

- 1 -

明細書

植物の再分化能を付与する遺伝子、並びにその利用

5 技術分野

本発明は、植物の再分化能を付与する遺伝子の単離・同定、並びに該遺伝子を利用した再分化能の増加、形質転換細胞の選抜法に関する。本発明によれば、植物の培養特性の改良、および安全性に配慮した形質転換法の開発が可能となる。

10 背景技術

植物の分化した組織は、適当な条件下に置くと脱分化し細胞分裂を経てカルス（脱分化細胞群）を形成する。カルスはさらに条件により再分化を引き起こし完全な植物体を再生することができる。このような分化した細胞もしくは脱分化した細胞が個体を再生しうる能力は分化全能性と言い、1930～1950年代のタバコ

15 やトマトなどの培養研究により最初に実証された。組織培養技術は、この分化全能性をもとにした技術であり、細胞融合や胚珠培養による新品種の作出や育種年数の短縮、遺伝形質の固定など特に植物育種の分野で広く利用してきた。近年では遺伝子機能解析を目的とした人為的な遺伝子導入（形質転換法）における基幹技術として、分子育種や植物の基礎研究にも欠かせない技術となっている。

20 一般に分化全能性は全ての植物が保持する能力とされているが、実際は植物種や品種、器官によってその能力を発揮しやすいものと、しにくいものがあることが知られている。双子葉植物に比べて主要作物のイネ、ムギ、トウモロコシなどの单子葉植物は組織培養、再分化が困難であるため形質転換法を始めとした培養を用いる解析には多くの試行錯誤が必要である。イネでは特定の品種の完熟種子25 を用いることにより比較的容易な培養系が確立されているものの、十分な再分化能を持つ品種は限られている。特に良食味品種のコシヒカリ、ササニシキ、熱帶

- 2 -

地方で多く栽培されている IR 系統の品種は再分化能が低く、組織培養による植物体の再生が困難である。これら品種の再分化能が向上できれば、品種改良や遺伝子の特性研究に役立つだけでなく、再分化過程のメカニズムの解明にもつながり、さらには他の培養困難植物種や品種の再分化能の改善も期待される。

- 5 また近年、多くの遺伝子組換え農作物 (GMO) が開発され年々作付け面積が増加している一方で、その安全性に不安を持つ消費者が多い。GMO の安全性議論において最も問題視されているのは GMO に抗生物質耐性遺伝子が組み込まれているという点である。従って抗生物質耐性遺伝子を用いない形質転換法の開発はこれまでの GMO に対する消費者の不安感を和らげると同時に、高価な抗生物質が不要で
10 かつ簡易な形質転換法として研究開発者にもメリットがあると期待される。

発明の開示

- 再分化能は複数の遺伝子の相互作用による量的形質 (QTL) として支配されており、未だその遺伝子座に存在する再分化能遺伝子の単離に成功した報告はない。
15 本発明の目的は、植物の再分化能に関する遺伝子の単離・同定、並びに該遺伝子を利用した植物の改良方法、さらには該遺伝子を選抜マーカーとして利用する形質転換法を提供することにある。

本発明者らは再分化能 QTL の検出に用いる雑種集団の育成に先駆け、雑種集団の親となる品種の選定を試み、再分化能に明瞭な差が見られた日本型イネの「コシヒカリ」とインド型イネ「カサラス」2つの品種を選抜した(図1写真)。これら二つの品種を交雑した F1 個体に、コシヒカリを反復親とした戻し交雑と自殖を行い、99 系統の BC1F1 集団を作成後、BC1F2 種子を採種した。各系統の BC1F2 種子 20 粒ずつ用いてカルスを誘導培地で 30 日間培養した後、増殖したカルスを再分化培地に移植しさらに 30 日間培養した。30 日後、1 粒あたりのカルス重とシュート数を計測し、各系統について 20 粒の平均値をとりそれを再分化能とした(図1グラフ)。各系統の遺伝子型は 262 個の PCR マーカーを用いて決定

- 3 -

した。これらのデータをもとに再分化能に関する QTL 解析を行った結果、再分化能を増加させる効果を持つ 4 箇所の QTL を検出した(図 2)。この内、第 1 番染色体短腕 TGS2451 マーカー近傍にカサラスのゲノムがコシヒカリに対して再分化能を増加させる効果の大きい QTL (*PSR1; Promoter of Shoot Regeneration 1*) を
5 見いだすことにより成功した(図 2)。次に *PSR1* 遺伝子の大まかな座乗領域を特定するため BC2F1 集団の中から *PSR1* 領域がカサラスに置換された 30 個体を選抜し、それらの種子(BC2F2 種子)各 10 粒ずつを用いてカルスを誘導した。増殖カルスから DNA を抽出し分子マーカーにより遺伝子型を明らかにするとともに再分化能を調査し、連鎖解析を行った。さらに、詳細な座乗領域の特定のために *PSR1*
10 が分離する BC3F2 種子約 3,800 粒を用いて分子マーカーによる遺伝子型を調査し、高精度連鎖解析を行った。その結果、*PSR1* は分子マーカー 3132 と P182 に挟まれる約 50.8kb 領域内に座乗することが明らかになった(図 3)。この領域に存在する遺伝子を予想した結果、*Hypothetical Protein* も含め 4 つの遺伝子の存在が示唆された。この内、どの遺伝子が再分化能遺伝子であるか同定するために、カ
15 サラス BAC ライブライリー(平均長 120kb)を作成し、*PSR1* 領域を含む BAC クローン(BHAL15)を PCR スクリーニングにより単離した。BHAL15 クローン内の適当な制限酵素部位を用いて各候補遺伝子領域を含むカサラスゲノム断片を調整しコシヒカリに導入したところ、フェレドキシン亜硝酸還元酵素をコードすると予想された遺伝子(*NiR*)を含むカサラスゲノム断片(図 3 の 3F)を導入した場合に
20 のみコシヒカリの再分化能が増加することがわかった(図 4)。フェレドキシン亜硝酸還元酵素はフェレドキシンを電子供与体として機能する亜硝酸還元酵素であり、亜硝酸イオンをアンモニアに変換する作用を持つ。このフェレドキシン亜硝酸還元酵素と予想された遺伝子領域およびその上流約 2kb についてカサラスとコシヒカリの塩基配列を決定し比較したところ、多数の塩基配列の変異が見出さ
25 れた(図 5)。また semi-quantitative RT-PCR およびリアルタイム定量 PCR によりカルス中の本遺伝子 mRNA の発現量を調べたところ、カサラスではコシヒカリ

- 4 -

の約 2.5 倍量の mRNA が存在することが分かった(図 6 左写真上段、中段、および右のグラフ)。また、NiR タンパク質に特異的な抗体を用いたウェスタンプロット解析においても、コシヒカリよりカサラスで NiR タンパク質が多く蓄積されていることが分かった(図 6 左写真下段)。さらに大腸菌で発現誘導した NiR 組換 5 タンパクを用いてナフチルエチレンジアミン法によりタンパク質量当たりの NiR 酵素活性を比較した結果、カサラスの NiR はコシヒカリの約 1.6 倍高い酵素活性を示すことが分かった(図 7)。以上の結果から、コシヒカリとカサラスの再分化能の違いは、第一に NiR 遺伝子の転写調節レベルの違いによるものであり、第二に合成されたタンパク質 1 分子当たりの活性の違いが要因であることが明らか 10 かになった。

カサラス *PSR1* 遺伝子のゲノム領域をコシヒカリに導入すると、再分化しないコシヒカリに再分化能を付与することができる。このことは、コシヒカリの形質転換を行う際に、カサラス *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用することが可能であることを示唆している。すなわち、カサラス *PSR1* 遺伝子と目的遺伝子を 15 並列に組み込んだベクターをコシヒカリに導入すると、*PSR1* 遺伝子が導入された細胞のみが再分化能を獲得するため、再分化した植物体には同時に目的遺伝子も導入されていると予想される。そこでこの考えを実証するために、バイナリーベクター pBI101 の T-DNA 領域内にカサラス *NiR genome + 35S promoter GUS*、カサラス *NiR promoter :: NiR cDNA :: NiR terminator + 35S promoter GUS*、イ 20 ネ *Actin1 promoter :: NiR cDNA :: NiR terminator + 35S promoter GUS* を含むベクター、および *NiR* 遺伝子を含まないベクターを構築し、コシヒカリに導入した。その結果、*NiR* 遺伝子を含む 3 種類のベクターの導入ではいずれの場合でも多数の再分化個体が得られ、かつそれらが由来するカルスでは *GUS* 遺伝子による染色が認められた(図 8)。さらに、毒性を示す亜硝酸を代謝する性質を有する 25 *NiR* 遺伝子の特徴を利用すると、高再分化能品種への形質転換においても *NiR* 遺伝子をマーカーとして用いることができた。具体的にはイネの高発現プロモータ

- 5 -

ーの 1 つであるアクチンプロモーター制御下で *NiR* 遺伝子を過剰発現させるベクターを高再分化品種カサラスに導入し、通常の野生型では増殖抑制される濃度の亜硝酸を添加した培地上において培養した。過剰に発現させた *NiR* 遺伝子の効果により形質転換細胞のみが増殖し、増殖した細胞にのみ GUS 染色が認められた

5 (図 9)。この選抜方法を用いることにより、従来の遺伝子組換え農作物の問題点とされている微生物由来の抗生物質耐性遺伝子（形質転換細胞の選抜マークー）を用いることなくより安全性に考慮した組換え植物の作成が可能になった。また高価な抗生物質が不要であるため形質転換体の開発コストを削減することができた。

10 即ち、本発明は、植物の再分化能を増加させる遺伝子の単離および同定、ならびに該遺伝子を利用した植物の培養特性の改良、さらには該遺伝子を選抜マークーとして利用する形質転換法に関し、以下の[1]～[22]を提供するものである。

[1-] 植物の再分化能に関与する、下記 (a) から (d) のいずれかに記載の DNA。

15 (a) 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。

(b) 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列のコード領域を含む DNA。

16 (c) 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列において 1 または複数のアミノ酸が置換、欠失、付加、および／または挿入されたアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。

(d) 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列からなる DNA とストリンジメントな条件下でハイブリダイズする DNA。

[2] 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質の部分ペプチドをコードする DNA。

25 [3] 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列のプロモーター領域を含む DNA。

[4] [1] または [2] に記載の DNA を含むベクター。

- 6 -

- [5] [3]に記載のDNAを含むベクター。
 - [6] [4]に記載のベクターが導入された宿主細胞。
 - [7] [4]に記載のベクターが導入された植物細胞。
 - [8] [7]に記載の植物細胞を含む形質転換植物体。
- 5 [9] [8]に記載の形質転換植物体の子孫またはクローンである、形質転換植物体。
- [10] [8]または[9]に記載の形質転換植物体の繁殖材料。
 - [11] [1]または[2]に記載のDNAを植物細胞に導入し、該植物細胞から植物体を再生させる工程を含む、形質転換植物体の製造方法。
- 10 [12] [1]または[2]に記載のDNAによりコードされるタンパク質。
- [13] [6]に記載の宿主細胞を培養し、該細胞またはその培養上清から組換えタンパク質を回収する工程を含む、[12]に記載のタンパク質の製造方法。
 - [14] [12]に記載のタンパク質に結合する抗体。
 - [15] 配列番号：1もしくは2に記載の塩基配列またはその相補配列に相補的な少なくとも15の連続する塩基を含むポリヌクレオチド。
- 15 [16] [1]または[2]に記載のDNAを植物体の細胞内で発現させる工程を含む、植物の再分化能を増加させる方法。
- [17] [1]もしくは[2]に記載のDNA、または[4]に記載のベクターを有効成分とする、植物の再分化能を改変する薬剤。
- 20 [18] 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における[1]に記載のDNAまたは[12]に記載のタンパク質の発現を検出する工程を含む方法。
- [19] 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における[12]に記載のタンパク質の活性を検出する工程を含む方法。
- 25 [20] 植物における内因性の[12]に記載のタンパク質の活性を制御することを特徴とする、植物の再分化能を改良する方法。

- 7 -

[21] 形質転換植物細胞の選抜方法であって、

(a) [1]または[2]に記載のDNAを選抜マーカーとして該DNAを含むベクターを植物細胞に導入する工程、および

(b) 該植物細胞を培養し、再分化能を獲得した植物細胞を選抜する工程、

5

を含む方法。

[22] 植物における内因性の[1]または[2]に記載のDNAを交配により置換することを特徴とする、植物の再分化能を改変する方法。

10 本発明は、イネ由来の*NiR*タンパク質をコードするDNAを提供する。「カサラス」のゲノムDNAの塩基配列を配列番号：1に、「カサラス」のcDNAの塩基配列を配列番号：2に、該DNAがコードするタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：3に示す。また、「コシヒカリ」のゲノムDNAの塩基配列を配列番号：4に、「コシヒカリ」のcDNAの塩基配列を配列番号：5に、該DNAがコードするタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：6に示す。

15 本発明によって、植物の*PSR1*遺伝子の発現制御あるいは活性制御により植物の再分化能が向上できることが明らかになった。これによりコシヒカリのような培養困難品種の培養を可能にし、かつ安定的に高い再分化能を有する高再分化能品種の作出が可能となった。

20 本発明における「再分化能の向上」とは培養条件における植物の再分化能を高めるだけで、再分化個体の形態には変化をもたらさないことを意味する。この再分化能の向上により所望の品種を様々な培養実験に供することが可能となり、その結果、効率的に新品種の開発や遺伝子の機能解析を行うことができる。

25 本発明において、「植物の*PSR1*遺伝子」とは、植物のフェレドキシン亜硝酸還元酵素をコードする*NiR*遺伝子を意味する。「植物の*PSR1*遺伝子」には、イネの*PSR1*遺伝子（図5）、および他の植物由来の*PSR1*遺伝子が含まれる。また*PSR1*

タンパク質をコードする DNA には、ゲノム DNA、cDNA、および化学合成 DNA が含まれる。ゲノム DNA および cDNA の調製は、当業者にとって常套手段を利用して行うことが可能である。ゲノム DNA は、例えば、該 *PSR1* 遺伝子を有するイネ品種（例えば、「コシヒカリ」）からゲノム DNA を抽出し、ゲノミックライブラリー 5 （ベクターとしては、プラスミド、ファージ、コスミド、BAC、PAC などを利用できる）を作成し、これを展開して、本発明タンパク質をコードする DNA（例えば、配列番号：1 もしくは 2）を基に調製したプローブを用いてコロニーハイブリダイゼーションあるいはブラークハイブリダイゼーションを行うことにより調製することが可能である。また、本発明タンパク質をコードする DNA（例 10 えば、配列番号：1 もしくは 2）に特異的なプライマーを作成し、これを利用した PCR をおこなうことによって調製することも可能である。また、cDNA は、例えば、*PSR1* 遺伝子を有するイネ品種（例えば、「コシヒカリ」）から抽出した mRNA を基に cDNA を合成し、これを λ ZAP 等のベクターに挿入して cDNA ライブラリーを作成し、これを展開して、上記と同様にコロニーハイブリダイゼーションあるいはブラークハイブリダイゼーションを行うことにより、また、PCR を行うことにより調製することが可能である。

本発明は、配列番号：3 に記載の PSR1 タンパク質（「カサラス」）と機能的に同等なタンパク質をコードする DNA を包含する。ここで「PSR1 タンパク質と同等の機能を有する」とは、対象となるタンパク質の発現量または活性を改変させることにより、再分化能を増加させる機能を有することを指す。

このような DNA には、例えば、配列番号：3 に記載のアミノ酸配列において 1 若しくは複数のアミノ酸が置換、欠失、付加および/または挿入されたアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする変異体、誘導体、アレル、バリエントおよびホモログが含まれる。

25 アミノ酸配列が改変されたタンパク質をコードする DNA を調製するための当業者によく知られた方法としては、例えば、site-directed mutagenesis 法

- 9 -

(Kramer, W. & Fritz, H.-J. (1987) Oligonucleotide-directed construction of mutagenesis via gapped duplex DNA. Methods in Enzymology, 154: 350-367) が挙げられる。また、塩基配列の変異によりコードするタンパク質のアミノ酸配列が変異することは、自然界においても生じ得る。このように天然型の PSR1 タンパク質をコードするアミノ酸配列において 1 もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失もしくは付加したアミノ酸配列を有するタンパク質をコードする DNA であっても、天然型の PSR1 タンパク質（配列番号：3）と同等の機能を有するタンパク質をコードする限り、本発明の DNA に含まれる。また、たとえ、塩基配列が変異した場合でも、それがタンパク質中のアミノ酸の変異を伴わない場合（縮重変異）もあり、このような縮重変異体も本発明の DNA に含まれる。

配列番号：3 に記載の PSR1 タンパク質と機能的に同等なタンパク質をコードする DNA を調製するために、当業者によく知られた他の方法としては、ハイブリダイゼーション技術 (Southern, E. M. (1975) Journal of Molecular Biology, 98, 503) やポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 技術 (Saiki, R. K. et al. (1985) Science, 230, 1350-1354, Saiki, R. K. et al. (1988) Science, 239, 487-491) を利用する方法が挙げられる。即ち、当業者にとっては、PSR1 遺伝子の塩基配列（配列番号：2）もしくはその一部をプローブとして、また PSR1 遺伝子（配列番号：2）に特異的にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドをプライマーとして、イネや他の植物から PSR1 遺伝子と高い相同意を有する DNA を単離することは通常行いうことである。このようにハイブリダイズ技術や PCR 技術により単離しうる PSR1 タンパク質と同等の機能を有するタンパク質をコードする DNA もまた本発明の DNA に含まれる。

このような DNA を単離するためには、好ましくはストリンジェントな条件下でハイブリダイゼーション反応を行う。本発明においてストリンジェントなハイブリダイゼーション条件とは、6M 尿素、0.4%SDS、0.5xSSC の条件またはこれと同等のストリンジエンシーのハイブリダイゼーション条件を指す。よりストリンジ

- 10 -

エンシーの高い条件、例えば、6M 尿素、0.4%SDS、0.1xSSC の条件を用いることにより、より相同意の高い DNA の単離を期待することができる。これにより単離された DNA は、アミノ酸レベルにおいて、PSR1 タンパク質のアミノ酸配列（配列番号：3 または 6）と高い相同意を有すると考えられる。高い相同意とは、ア 5 ミノ酸配列全体で、少なくとも 50%以上、さらに好ましくは 70%以上、さらに好ましくは 90%以上（例えば、95%, 96%, 97%, 98%, 99%以上）の配列の同一性を指す。アミノ酸配列や塩基配列の同一性は、カーリンおよびアルチュールによるアルゴリズム BLAST (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:2264-2268, 1990, Proc Natl Acad Sci USA 90: 5873, 1993) を用いて決定できる。BLAST のアルゴリズ 10 ムに基づいた BLASTN や BLASTX と呼ばれるプログラムが開発されている (Altschul SF, et al: J Mol Biol 215: 403, 1990)。BLASTN を用いて塩基配列を解析する場合は、パラメーターは、例えば score=100、wordlength=12 と 15 する。また、BLASTX を用いてアミノ酸配列を解析する場合は、パラメーターは、例えば score=50、wordlength=3 とする。BLAST と Gapped BLAST プログラムを用いる場合は、各プログラムのデフォルトパラメーターを用いる。これらの解析方法の具体的な手法は公知である。

ある DNA が再分化能に関するタンパク質をコードするか否かは以下のようにして評価することができる。最も一般的な方法としては、該 DNA の機能を欠失させた上で栽培を行い、再分化能を調べる手法である。すなわち該 DNA の機能を保 20 った条件と該 DNA の機能を欠失させた条件で培養し、再分化能を比較する方法である。再分化能が変わらないかほとんど同じ場合は、該 DNA は再分化能に関する場合ではないと判断する。該 DNA が再分化能に関する場合は、再分化率はより増加し、その差を再分化能の程度とみなすことができる。

本発明の DNA は、例えば、組み換えタンパク質の調製や再分化能が改変された 25 形質転換植物体の作出などに利用することが可能である。組み換えタンパク質を調製する場合には、通常、本発明のタンパク質をコードする DNA を適当な発現ベ

- 11 -

クターに挿入し、該ベクターを適当な細胞に導入し、形質転換細胞を培養して発現させたタンパク質を精製する。組み換えタンパク質は、精製を容易にするなどの目的で、他のタンパク質との融合タンパク質として発現させることも可能である。例えば、大腸菌を宿主としてマルトース結合タンパク質との融合タンパク質として調製する方法（米国 New England BioLabs 社発売のベクターpMAL シリーズ）、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ(GST)との融合タンパク質として調製する方法 (Amersham Pharmacia Biotech 社発売のベクターpGEX シリーズ)、ヒスチジンタグを付加して調製する方法 (Novagen 社の pET シリーズ) などを利用することが可能である。宿主細胞としては、組み換えタンパク質の発現に適した細胞であれば特に制限はなく、上記の大腸菌の他、例えば、酵母、種々の動植物細胞、昆虫細胞などを用いることが可能である。宿主細胞へのベクターの導入には、当業者に公知の種々の方法を用いることが可能である。例えば、大腸菌への導入には、カルシウムイオンを利用した導入方法 (Mandel, M. & Higa, A. (1970) Journal of Molecular Biology, 53, 158-162, Hanahan, D. (1983) Journal of Molecular Biology, 166, 557-580) を用いることができる。宿主細胞内で発現させた組み換えタンパク質は、該宿主細胞またはその培養上清から、当業者に公知の方法により精製し、回収することが可能である。組み換えタンパク質を上記のマルトース結合タンパク質などとの融合タンパク質として発現させた場合には、容易にアフィニティー精製を行うことが可能である。また、後述する手法で、本発明の DNA が導入された形質転換植物体を作成し、該植物体から本発明のタンパク質を調製することも可能である。従って、本発明の形質転換植物体には、後述する、再分化能を改変するために本発明の DNA が導入された植物体のみならず、本発明のタンパク質の調製のために本発明の DNA が導入された植物体も含まれる。得られた組換えタンパク質を用いれば、これに結合する抗体を調製することができる。例えば、ポリクローナル抗体は、精製した本発明のタンパク質若しくはその一部のペプチドをウサギなどの免疫動物に免疫し、一定期間の後に血液を探

- 12 -

取し、血ペイを除去することにより調製することができる。また、モノクローナル抗体は、上記タンパク質若しくはペプチドで免疫した動物の抗体産生細胞と骨腫瘍細胞とを融合させ、目的とする抗体を產生する单一クローンの細胞（ハイブリドーマ）を単離し、該細胞から抗体を得ることにより調製することができる。

これにより得られた抗体は、本発明のタンパク質の精製や検出などに利用することが可能である。本発明には、本発明のタンパク質に結合する抗体が含まれる。これらの抗体を用いることにより、植物体における再分化能に関するタンパク質の発現部位の判別、もしくは植物種が再分化能に関するタンパク質を発現するか否かの判別を行うことが出来る。

10 本発明の DNA を利用して再分化能が増加した形質転換植物体を作製する場合には、本発明のタンパク質をコードする DNA を適当なベクターに挿入して、これを植物細胞に導入し、これにより得られた形質転換植物細胞を再生させる。ベクターを導入する植物細胞としては、本発明の DNA の発現が低い植物細胞であることが好ましい。ここでいう「植物細胞」には、種々の形態の植物細胞、例えば、懸濁培養細胞、プロトプラスト、葉の切片、カルスなどが含まれる。

植物細胞の形質転換に用いられるベクターとしては、該細胞内で挿入遺伝子を発現させることができるものであれば特に制限はない。例えば、プラスミド「pBI121」、「pBI221」、「pBI101」（いずれも Clontech 社製）などが挙げられる。

本発明のベクターは、本発明のタンパク質を恒常的または誘導的に発現させるためのプロモーターを含有しうる。恒常的に発現させるためのプロモーターとしては、例えば、カリフラワーモザイクウイルスの 35S プロモーター (Odell et al. 1985 Nature 313:810)、イネのアクチンプロモーター (Zhang et al. 1991 Plant Cell 3:1155)、トウモロコシのユビキチンプロモーター (Cornejo et al. 1993 Plant Mol. Biol. 23:567) などが挙げられる。

25 また、誘導的に発現させるためのプロモーターとしては、例えば糸状菌・細菌・ウイルスの感染や侵入、低温、高温、乾燥、紫外線の照射、特定の化合物の

散布などの外因によって発現することが知られているプロモーターなどが挙げられる。このようなプロモーターとしては、例えば、糸状菌・細菌・ウイルスの感染や侵入によって発現するイネキチナーゼ遺伝子のプロモーター (Xu et al.

1996 Plant Mol. Biol. 30 : 387) やタバコの PR タンパク質遺伝子のプロモータ

- 5 ー (Ohshima et al. 1990 Plant Cell 2:95)、低温によって誘導されるイネの「lip19」遺伝子のプロモーター (Aguan et al. 1993 Mol. GenGenet. 240:1)、高温によって誘導されるイネの「hsp80」遺伝子と「hsp72」遺伝子のプロモーター (Van Breusegem et al. 1994 Planta 193:57)、乾燥によって誘導されるシロイヌナズナの「rab16」遺伝子のプロモーター (Nundy et al. 1990

- 10 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:1406)、紫外線の照射によって誘導されるパセリのカルコン合成酵素遺伝子のプロモーター (Schulze-Lefert et al. 1989 EMBO J. 8:651)、嫌気的条件で誘導されるトウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ遺伝子のプロモーター (Walker et al. 1987 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84:6624)などが挙げられる。また、イネキチナーゼ遺伝子のプロモーターとタバコの PR
- 15 タンパク質遺伝子のプロモーターはサリチル酸などの特定の化合物によって、「rab16」は植物ホルモンのアブシジン酸の散布によっても誘導される。

さらに、ベクターは、本発明のタンパク質をコードする DNA のプロモーターを有していてもよい。本発明のタンパク質をコードする DNA のプロモーター領域は、例えば、配列番号：1 または 2 に記載の塩基配列からなる DNA またはその一部を 20 プローブとしたゲノム DNA ライブラリーのスクリーニングにより取得することができる。

また、本発明は、本発明のベクターが導入された形質転換細胞を提供する。本発明のベクターが導入される細胞には、組み換えタンパク質の生産に用いる上記した細胞の他に、形質転換植物体作製のための植物細胞が含まれる。植物細胞としては特に制限はなく、例えば、シロイヌナズナ、イネ、トウモロコシ、ジャガイモ、タバコなどの細胞が挙げられる。本発明の植物細胞には、培養細胞の他、

- 14 -

植物体中の細胞も含まれる。また、プロトプラスト、苗条原基、多芽体、毛状根も含まれる。植物細胞へのベクターの導入は、ポリエチレンギリコール法、電気穿孔法（エレクトロポーレーション）、アグロバクテリウムを介する方法、ペ

- ティカルガン法など当業者に公知の種々の方法を用いることができる。形質転換
5 植物細胞からの植物体の再生は、植物細胞の種類に応じて当業者に公知の方法で
行うことが可能である (Toki et al. (1995) Plant Physiol. 100:1503-1507 参
照)。例えば、イネにおいては、形質転換植物体を作出する手法については、ポ
リエチレンギリコールによりプロトプラストへ遺伝子導入し、植物体（インド型
イネ品種が適している）を再生させる方法 (Datta, S. K. (1995) In Gene
10 Transfer To Plants (Potrykus I and Spangenberg Eds.) pp66-74)、電気パルス
によりプロトプラストへ遺伝子導入し、植物体（日本型イネ品種が適している）
を再生させる方法 (Toki et al. (1992) Plant Physiol. 100, 1503-1507)、ペ
ティカルガン法により細胞へ遺伝子を直接導入し、植物体を再生させる方法
(Christou et al. (1991) Bio/technology, 9: 957-962.) およびアグロバクテ
15 リウムを介して遺伝子を導入し、植物体を再生させる方法 (Hiei et al. (1994)
Plant J. 6: 271-282.) など、いくつかの技術が既に確立し、本願発明の技術分
野において広く用いられている。本発明においては、これらの方法を好適に用い
ることができる。

一旦、ゲノム内に本発明の DNA あるいは本発明の DNA が導入された形質転換植
20 物体が得られれば、該植物体から有性生殖または無性生殖により子孫を得ること
が可能である。また、該植物体やその子孫あるいはクローンから繁殖材料（例え
ば、種子、果実、切穂、塊茎、塊根、株、カルス、プロトプラスト等）を得て、
それらを基に該植物体を量産することも可能である。本発明には、本発明の DNA
が導入された植物細胞、該細胞を含む植物体、該植物体の子孫およびクローン、
25 並びに該植物体、その子孫、およびクローンの繁殖材料が含まれる。

このようにして作出された再分化能が改変された植物体は、野生型植物体と比

較して、その再分化能が変化している。例えば、イネアクチンプロモーターの制御下において PSR1 タンパク質をコードする DNA を導入した植物体では、その再分化能の増加が期待される。本発明の手法を用いれば、有用農作物であるイネにおいては、その再分化能を増加することができ、高再分化能イネ品種の育成の上
5 で非常に有益である。

また、本発明は、配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列またはその相補配列に相補的な少なくとも 15 の連続する塩基を含むポリヌクレオチドを提供する。ここで「相補配列」とは、A:T、G:C の塩基対からなる 2 本鎖 DNA の一方の鎖の配列に対する他方の鎖の配列を指す。また、「相補的」とは、少なくとも 15 個の
10 連続したヌクレオチド領域で完全に相補配列である場合に限られず、少なくとも 70%、好ましくは少なくとも 80%、より好ましくは 90%、さらに好ましくは 95% 以上（例えば、96% 以上、97% 以上、98% 以上、99% 以上）の塩基配列の同一性を有すればよい。このような DNA は、本発明の DNA の検出や単離を行なうためのプローブとして、また、增幅を行なうためのプライマーとして有用である。

15 さらに、本発明は、植物の再分化能の有無を判定する遺伝子診断方法を提供する。本発明において「植物の再分化能の有無を判定」とは、これまでに栽培されていた品種における再分化能の有無の判定に有効のみならず、交配や遺伝子組換え技術による新しい品種における再分化能の有無の判定も含まれる。この方法は特に日本型イネ品種の再分化能の有無の判定に有効である。

20 本発明の植物の再分化能の有無を評価する方法は、植物の PSR1 タンパク質をコードする DNA および PSR1 タンパク質の発現量を検出することを特徴とする。例えば、PSR1 をコードする DNA または PSR1 タンパク質の発現がコシヒカリの当該遺伝子およびタンパク質より高ければ、この被検植物は再分化能を持つ品種であると診断される。

25 本発明は植物の形質転換における選抜マーカーとしての PSR1 遺伝子の利用法についても提供する。これまでに用いられている、形質転換した植物細胞の選抜

- 16 -

マーカー遺伝子としては、例えば抗生物質ハイグロマイシンに耐性であるハイグロマイシンホスホトランスフェラーゼ遺伝子、カナマイシンまたはゲンタマイシンに耐性であるネオマイシンホスホトランスフェラーゼ、除草剤ホスフィノスリシンに耐性であるアセチルトランスフェラーゼ遺伝子、およびビアラフォスに耐性であるビアラフォス耐性遺伝子等が挙げられる。これらの遺伝子を用いる場合は、選抜マーカー遺伝子の種類に従って適当な選抜用薬剤を含む公知の選抜用培地上で培養することにより形質転換された植物培養細胞を得る。これら薬剤耐性遺伝子に対して *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用する場合、形質転換する植物細胞がコシヒカリのような再分化能がないものであれば、選抜のための特別な薬剤等を用いることなく再分化能の獲得をマーカー形質として形質転換体を選抜できる。つまり非形質転換体は再分化できないため *PSR1* 遺伝子の効果により再分化した個体が形質転換体とみなされる。また、再分化能を持つ植物細胞に *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用する場合は、選抜用培地に非形質転換体の生育が阻害される濃度の亜硝酸を加えることにより形質転換細胞を選抜することができる。従来の形質転換体の選抜に用いる上記の薬剤耐性遺伝子は微生物由來の遺伝子であるため、それら遺伝子が残存する組換え農作物(GMO)は生態系への影響や人体への不安が問題視されている。しかしながら本発明の *PSR1* 遺伝子による形質転換体の選抜方法によれば、それらの不安が軽減されるとともに安価な遺伝子組換え作物の開発が可能になるという利点を有する。

なお本明細書において引用された全ての先行技術文献は、参照として本明細書に組み入れられる。

図面の簡単な説明

図1は、コシヒカリおよびカサラスの表現型を示すグラフおよび写真である。写真は、左側がコシヒカリ、右側がカサラスを示す。グラフは、コシヒカリ、カサラスの再分化能を 1 g カルスあたりの再分化個体数で表した。

- 17 -

図2は、再分化能 QTLの染色体における位置を示す図である。

図3は、再分化能 QTLの高精度連鎖 MAPを示す図である。

図4は、相補性検定の結果を示す写真である。左側がベクターのみをコシヒカリに導入したもの、右側がカサラスの3F断片をコシヒカリに導入した場合の再分化の様子を示す。
5

図5は、コシヒカリ *NiR*ゲノム配列に対するカサラス *NiR*ゲノムの変異部位を示す図である。模式図中のアラビア数字は挿入または欠失の塩基数を示す。黒四角はコード領域を示す。垂直線は置換部位を示す。枠内の配列は、コシヒカリ
10 (上側) とカサラス (下側) における *NiR*遺伝子配列を比較した図である。四角で囲った部位はコシヒカリとカサラスで異なっていたアミノ酸を示す。斜体太字で示した領域は葉緑体移行ペプチドドメインを、点線下線で示した領域はフェレドキシン結合領域を、下線で示した部位は4Fe-4S クラスターを示す。

図6は、コシヒカリとカサラスのカルスにおける *NiR*遺伝子およびNiRタンパク質の発現量を比較した写真および図である。左写真上段は *NiR*遺伝子を semi-
15 quantitative RT-PCRで検出したもの、左写真中段は発現コントロールとしてイネユビキチン1遺伝子 (*Rubq1*) を semi-quantitative RT-PCRで検出したもの、左写真下段は NiRタンパク質の抗体を用いてウェスタンプロットハイブリダイゼーションにより NiRタンパク質を検出したもの、右のグラフは *Rubq1*遺伝子の発現量を内部標準としてリアルタイム定量 RT-PCRで *NiR*遺伝子の発現量を測定し
20 た結果を示す。RT-PCRのプライマー部位は図5に示す。

図7は、コシヒカリおよびカサラスの NiR組換えタンパク質の酵素活性を比較したグラフである。

図8は、*NiR*遺伝子の選抜マーカーとしての有効性を確認する実験結果を示す
25 図および写真である。模式図は形質転換に用いたバイナリーベクターの T-DNA 領域の図である。写真はそれぞれのベクターをコシヒカリに導入した場合の再分化の様子を示す。表は再分化個体における GUS 染色個体の割合を示す。

図9は、アクチンプロモーターにより *NiR* 遺伝子を過剰発現させるベクターをカサラスへ導入した場合のカルスの選抜結果を示す写真である。上段写真はカルスの選抜結果を示す。培地中には亜硝酸が添加されており形質転換体のaは *NiR* 遺伝子の過剰発現の効果により増殖しているのに対してbの非形質転換体ではカルスの増殖が抑制されている。下段の写真はa, b カルスの GUS 染色結果を示す。

発明を実施するための最良の形態

以下、本発明を実施例によりさらに具体的に説明するが本発明はこれら実施例に制限されるものではない。

10 [実施例 1] 試験材料の選定および準同質遺伝子系統の作製

QTL 解析を行う雑種集団の育成に先駆け、雑種集団の親となる品種の選定を試みた。まず、日本型イネ-数品種、インド型イネ-数品種の平均再分化能を調査し、両品種間で再分化能に明瞭な差が見られた日本型イネの「コシヒカリ」とインド型イネ「カサラス」2つの品種を選抜した(図1写真)。日本型品種「コシヒカリ」にインド型品種「カサラス」を交雑したF1個体に、コシヒカリを反復親とした戻し交雑と自殖を行い、BC1F1集団を作成後、BC1F2種子を探種した。各系統のBC1F2種子20粒ずつ用いてカルスを誘導培地で30日間培養した後、増殖したカルスを再分化培地に移植し、移植後30日経た時点で1粒あたりのカルス重とシート数を計測し、各系統について20粒の平均値をとりそれを再分化能とした(図1グラフ)。各系統の遺伝子型は262個のPCRマーカーを用いて決定した。

これらのデータをもとに再分化能に関するQTL解析を行った結果、再分化能を増加させる効果を持つ4箇所のQTLを検出した(図2)。この内、第1番染色体短腕TGS2451マーカー近傍にカサラスのゲノムがコシヒカリに対して再分化能を増加させる効果の大きいQTL(*PSR1*; *Promoter of Shoot Regeneration 1*)を見いだすことに成功した。返し戻し交雑とMASを用いて、*PSR1*準同質遺伝子系統

- 19 -

(Nil-PSR1:コシヒカリの染色体にカサラスの第1染色体 TGS2451 マーカー近傍が置換した系統)を作製した。Nil-PSR1 及びコシヒカリ(コントロール)の再分化能を調査し、QTL(PSR1)の存在を確認した。第1染色体短腕、TGS2451 近傍がカサラスに置換した系統は平均で 14.7 倍再分化能を増加させた。

5 [実施例 2] *PSR1* の分離集団を用いた高精度連鎖解析

BC2F1 集団の中から *PSR1* 領域がカサラスに置換された 30 個体を選抜し、それらの種子(BC2F2 種子)各 10 粒ずつを用いてカルスから DNA を抽出して分子マーカーにより遺伝子型を明らかにするとともに再分化能を調査し、連鎖解析を行った。その後さらに詳細な座乗領域の特定のために *PSR1* が分離する BC3F2 種子
10 約 3,800 粒を用いて分子マーカーによる遺伝子型を調査し、高精度連鎖解析を行った。その結果、*PSR1* は分子マーカー 3132 と P182 に挟まれる約 50.8kb 領域内に座乗することが明らかになった(図 3)。この領域に存在する遺伝子を予想した結果、Hypothetical Protein も含め 4 つの遺伝子の存在が示唆された。この内、どの遺伝子が再分化能遺伝子であるか同定するために、カサラス BAC ライブライ
15 一(平均長 120kb)を作成し、*PSR1* 領域を含む BAC クローン(BHAL15)を PCR スクリーニングにより単離した。BHAL15 クローン内の適当な制限酵素部位を用いて各候補遺伝子領域を含むカサラスゲノム断片を調整しコシヒカリに導入したこと、フェレドキシン亜硝酸還元酵素をコードすると予想された遺伝子(*NiR*)を含むカサラスゲノム断片(図 3 の 3F)を導入した場合にのみコシヒカリの再分
20 化能がすることがわかった(図 4)。このフェレドキシン亜硝酸還元酵素と予想された遺伝子領域およびその上流約 2kb についてカサラスとコシヒカリの塩基配列を決定し比較したところ、多数の塩基配列の変異が見出された(図 5)。

[実施例 3] 培養困難品種の培養特性の改良

コシヒカリに再分化能を付与する目的でカサラスの *PSR1* 遺伝子領域(ゲノム
25 配列でも cDNA 配列でも可。)をコシヒカリに導入すると高再分化能なコシヒカリが得られた(図 4、図 8、図 9)。この時 *PSR1* 遺伝子の発現に用いるプロモータ

- 20 -

ーは PSR プロモーターでもアクチングプロモーターのような恒常的プロモーターでも効果が見られた。

[実施例 4] *PSR1* 遺伝子および *PSR1* タンパク質の発現解析

semi-quantitative RT-PCR およびリアルタイム定量 PCR によりカルス中の *NiR* mRNA の発現量を調べたところ、カサラスではコシヒカリの約 2.5 倍量の mRNA が存在することが分かった(図 6 左写真上段、中段、および右のグラフ)。また、
5 *NiR* タンパク質に特異的な抗体を用いたウェスタンプロット解析においても、コ
シヒカリよりカサラスで *NiR* タンパク質が多く蓄積されていることが分かった
(図 6 左写真下段)。さらに大腸菌で発現誘導した *NiR* 組換えタンパクを用いて
10 ナフチルエチレンジアミン法によりタンパク質量あたりの *NiR* 酶素活性を比較し
た結果、カサラスの *NiR* タンパク質はコシヒカリの約 1.6 倍高い酵素活性を示す
ことが分かった(図 7)。以上の結果から、コシヒカリとカサラスの再分化能の
違いは、第一に *NiR* 遺伝子の転写調節レベルの違いによるものであり、第二に合
成されたタンパク質 1 分子あたりの活性の違いも要因となっていることが明らか
15 になった。

[実施例 5] 再分化能を選抜形質とする形質転換

カサラス *PSR1* 遺伝子をコシヒカリに導入すると再分化しないコシヒカリに再
分化能を付与することができる。このことは、コシヒカリの形質転換を行う際に、
カサラス *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用することが可能であることを示
20 している。すなわち、カサラス *PSR1* 遺伝子と目的遺伝子を並列に組み込んだベ
クターをコシヒカリに導入すると、*PSR1* 遺伝子が導入された細胞のみが再分化
能を獲得するため、再分化した植物体には同時に目的遺伝子も導入されていると
予想される。そこでこの考えを実証するために、バイナリーベクター pBI101 の
T-DNA 領域内にカサラス *NiR* genome + 35S promoter *GUS*, カサラス *NiR*
25 promoter :: *NiR* cDNA :: *NiR* terminator + 35S promoter *GUS*, イネ *Actin1*
promoter :: *NiR* cDNA :: *NiR* terminator + 35S promoter *GUS* を含むベクター、

- 21 -

および *NiR* 遺伝子を含まないベクターを構築し、コシヒカリに導入した。その結果、*NiR* 遺伝子を含む 3 種類のベクターの導入では多数の再分化個体が得られ、かつそれらが由来するカルスでは GUS 遺伝子による染色が認められた（図 8）。

さらに、毒性を示す亜硝酸を代謝する性質を有する *NiR* 遺伝子の特徴を利用すると、高再分化能品種への形質転換においても *NiR* 遺伝子をマーカーとして利用できた。具体的には、イネの高発現プロモーターの 1 つであるアクチンプロモーター制御下で *NiR* 遺伝子を過剰発現させるベクターを高再分化品種カサラスに導入し、通常の野生型では増殖抑制される濃度の亜硝酸を添加した培地上において培養した。過剰に発現させた *NiR* 遺伝子の効果により形質転換細胞のみが増殖し、10 増殖した細胞にのみ GUS 染色が認められた（図 9）。この選抜方法を用いることにより、従来の微生物由来の抗生物質耐性遺伝子を選抜マーカーとする場合に比べて抗生物質のコストが削減できる上に、再分化した植物体には微生物の遺伝子が含まれないため、より環境に考慮した組換え植物の作成も可能になる。

15 産業上の利用の可能性

近年、有用植物の開発や遺伝子の機能解析などにおいて形質転換法を用いた研究が加速している。形質転換法は交配と選抜を主体とする従来育種では不可能な生物種を超えた遺伝子利用が可能なため、これまでにない新たな植物を作出できる可能性がある。また次々と解明されるゲノム配列解読を受け、個々の遺伝子機能の解明を目的とした遺伝子破壊や発現制御解析なども形質転換法を利用して行われている。一般に形質転換植物を作製する場合、導入したい遺伝子と抗生物質などの薬剤耐性マーカー遺伝子とを共に含むプラスミドベクターをアグロバクテリウム法や電気穿孔法（エレクトロポレーション法）などで植物細胞に導入し、薬剤処理により形質転換細胞を選抜する。選抜した形質転換細胞は細胞増殖を経25 て植物体へと再分化される。つまりこのような形質転換法を利用するためには組織培養技術の確立が不可欠である。また組織培養技術は、形質転換法だけでなく、

培養変異による変異体の作出、細胞融合や胚珠培養による品種育成、遺伝形質の固定や育種年数の短縮などにも非常に有効である。

イネは主要穀物の中ではもっとも培養技術の利用が進んでいる植物ではあるが、その培養特性が品種により大きく異なることが問題とされている。特にコシヒカリやあきたこまちなどの日本における主要品種や熱帯地方で栽培されている多くのインド型品種は培養が困難であり、これらの品種は組織培養の材料にすることができるない。このような培養特性の品種間差はイネに限らず多くの植物に共通して見られる現象であるが、その原因の解明は進んでいない状況にある。

発明者らによる再分化能に関する遺伝子の単離により、高再分化能形質を分子マーカーを用いて、効率的に選抜したり（マーカー選抜育種）、分子生物学的手法を用いた再分化能の改良が可能になった（分子育種）。また *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用することにより、より安価で環境影響に配慮した形質転換植物の作成法が可能となった。

イネ、トウモロコシ、コムギ、オオムギなどの穀類は、人類の主要エネルギー源となっており、人類にとって最も重要な植物である。これら穀類はすべてイネ科に属し、同一祖先から進化したと考えられており、お互いに高い遺伝子の相同性（ゲノムシンテニー）を有する。この中で最もゲノムサイズが小さい穀物がイネであり、イネが穀類のモデル植物として利用されている所以でもある。イネの遺伝子はその類縁のムギやトウモロコシゲノム中にも存在し、イネで単離された遺伝子はムギやトウモロコシから容易に単離する事が出来るばかりか、ムギやトウモロコシなどの穀物育種へ直接応用することも可能となるので、本遺伝子は、イネのみならず、広く植物に応用可能と思われる。

請求の範囲

1. 植物の再分化能に関与する、下記 (a) から (d) のいずれかに記載の DNA。
 - 5 (a) 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。
 - (b) 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列のコード領域を含む DNA。
 - (c) 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列において 1 または複数のアミノ酸が置換、欠失、付加、および／または挿入されたアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。
 - 10 (d) 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列からなる DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする DNA。
2. 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質の部分ペプチドをコードする DNA。
- 15 3. 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列のプロモーター領域を含む DNA。
4. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を含むベクター。
5. 請求項 3 に記載の DNA を含むベクター。
6. 請求項 4 に記載のベクターが導入された宿主細胞。
7. 請求項 4 に記載のベクターが導入された植物細胞。
- 20 8. 請求項 7 に記載の植物細胞を含む形質転換植物体。
9. 請求項 8 に記載の形質転換植物体の子孫またはクローンである、形質転換植物体。
10. 請求項 8 または請求項 9 に記載の形質転換植物体の繁殖材料。
11. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を植物細胞に導入し、該植物細胞
- 25 から植物体を再生させる工程を含む、形質転換植物体の製造方法。
12. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA によりコードされるタンパク質。

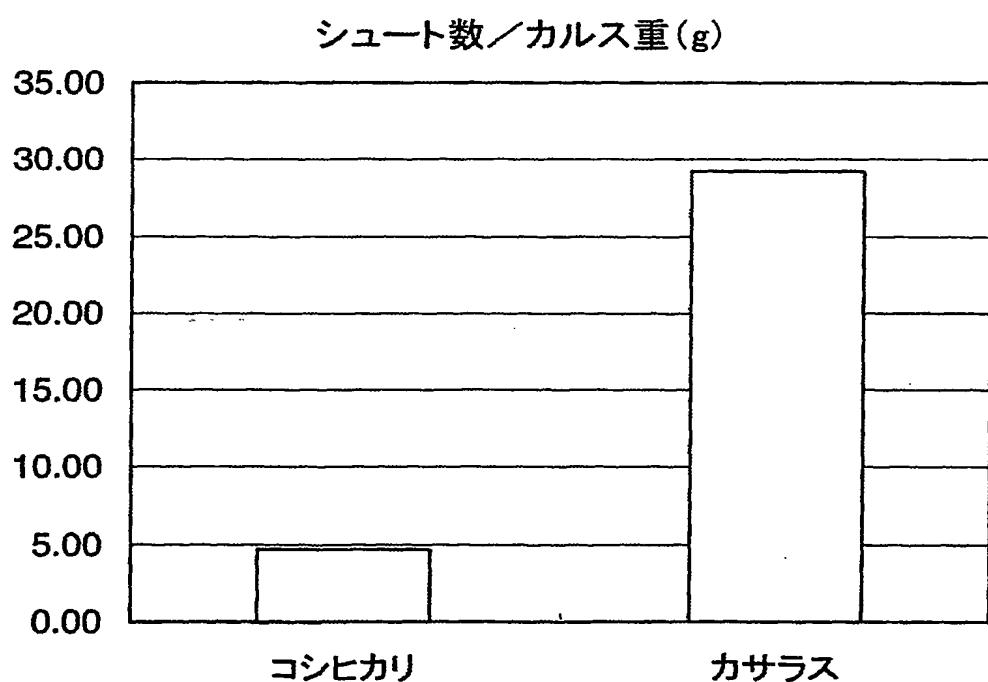
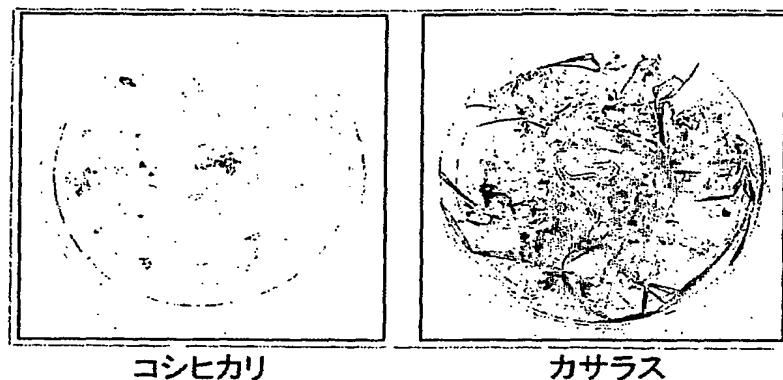
- 24 -

13. 請求項 6 に記載の宿主細胞を培養し、該細胞またはその培養上清から組換えタンパク質を回収する工程を含む、請求項 12 に記載のタンパク質の製造方法。
14. 請求項 12 に記載のタンパク質に結合する抗体。
- 5 15. 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列またはその相補配列に相補的な少なくとも 15 の連続する塩基を含むポリヌクレオチド。
16. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を植物体の細胞内で発現させる工程を含む、植物の再分化能を増加させる方法。
17. 請求項 1 もしくは請求項 2 に記載の DNA、または請求項 4 に記載のベクターを有効成分とする、植物の再分化能を改変する薬剤。
- 10 18. 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における請求項 1 に記載の DNA または請求項 12 に記載のタンパク質の発現を検出する工程を含む方法。
19. 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における請求項 12 に記載のタンパク質の活性を検出する工程を含む方法。
- 15 20. 植物における内因性の請求項 12 に記載のタンパク質の活性を制御することを特徴とする、植物の再分化能を改良する方法。
21. 形質転換植物細胞の選抜方法であって、
 - (a) 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を選抜マーカーとして該 DNA を含むベクターを植物細胞に導入する工程、および
 - (b) 該植物細胞を培養し、再分化能を獲得した植物細胞を選抜する工程、

を含む方法。
22. 植物における内因性の請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を交配により置換することを特徴とする、植物の再分化能を改変する方法。

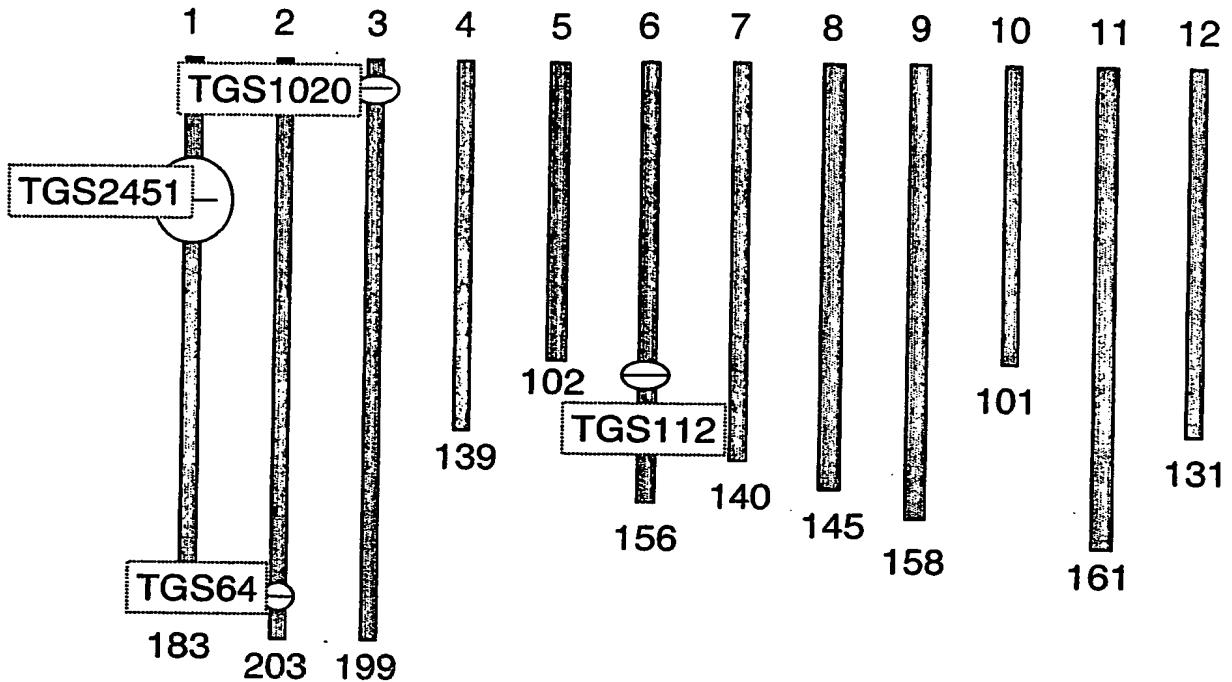
1/8

図1



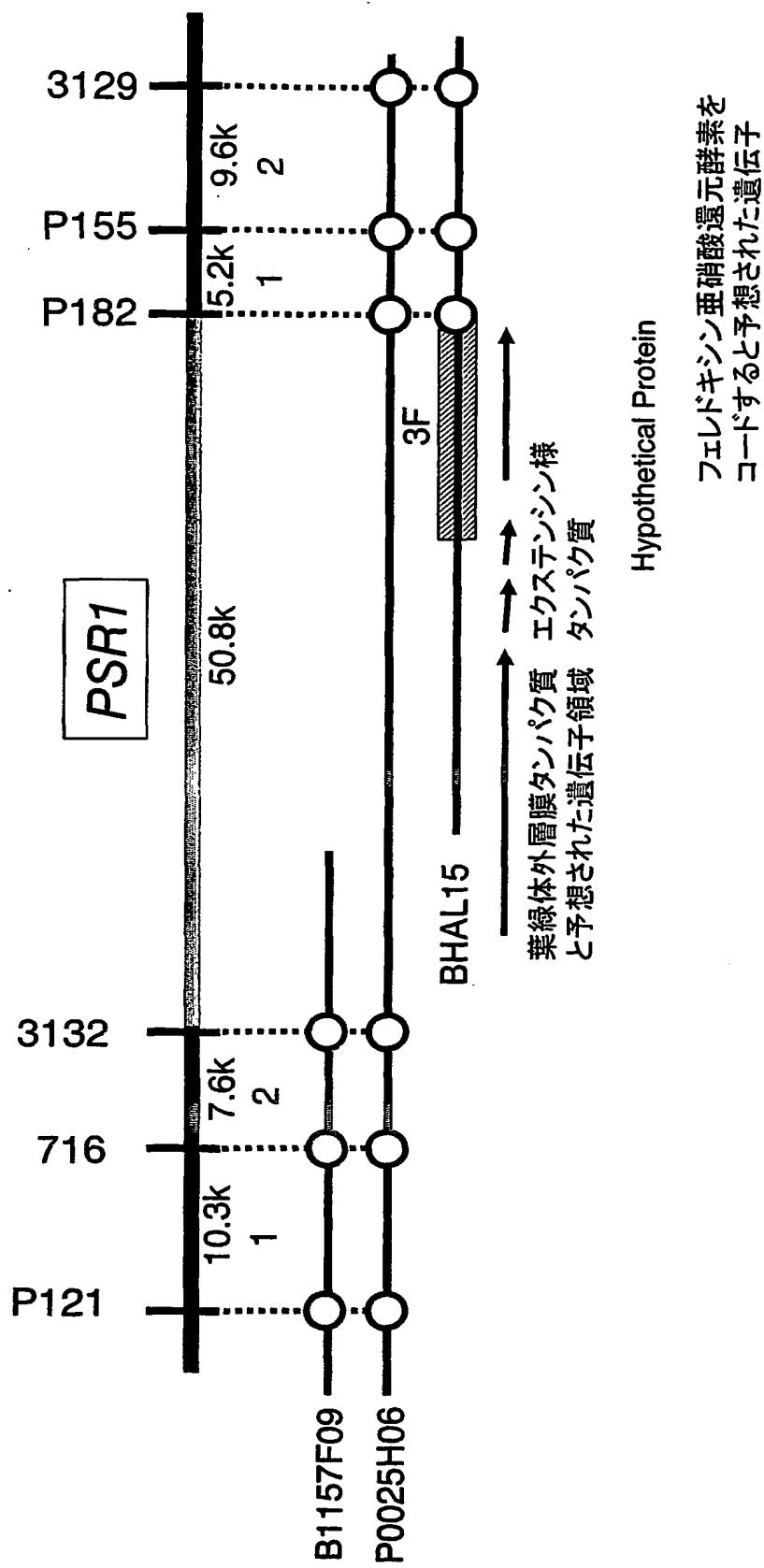
2/8

図2



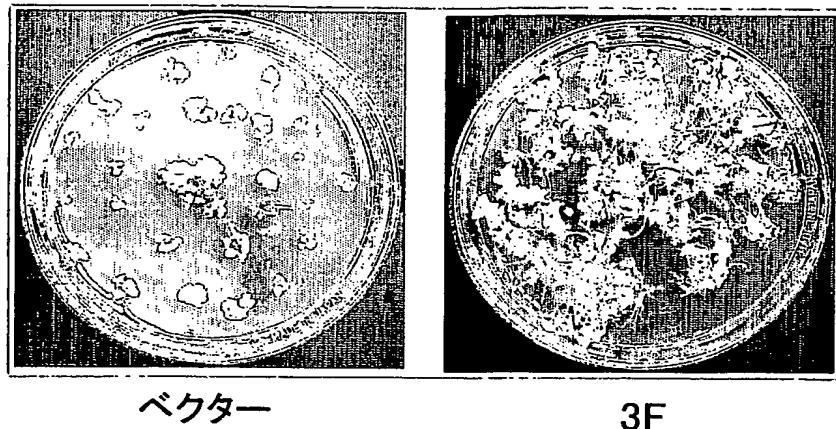
3 / 8

図3



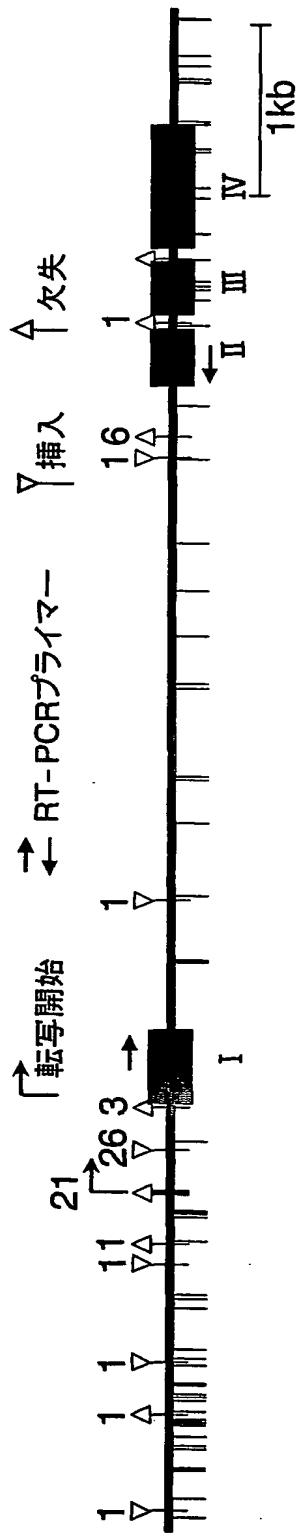
4 / 8

図4



5 / 8

図5



1	MASSASLQRFLPPYPAASRCRPPGVRARPVQSSTVSAPS	SSTPAADEAVSAERLEPRV	60
61	EQREGRYWWVLKEKYRTGLNPQEKVKLGKEPM	SLFMEGGIKELAKMPMEEIADKLSKEDI	120
121	DVRLKWLGLFHRRKHQQYGRFM	MRLKLPNGVTTSEQTRYLASVIEAYGKEGCADVTTRQNW	180
181	QIRGVTLPDVPAILDGLNAVGLT	LSQSGMDNVRNPVGNNPLAGIDPDEIVDTRSYTNLSS	240
241	YITSNFQGNPTITNLPRKWNVCVIGSHDLYEHPHI	NDLAYMAPAVKGKFGFNLVGGFIS	300
301	PKRWEEARPLDAWVPGDDIPVCKAVLEAYRDLGTRGNRQKTRMMWL	IDELGMEAFRSEV	360
361	EKRMPNGVLERAAP	[EDLIDKKWQRRTDYLGVHPQKQEGMSYVGLHV	420
421	LADEYGSGELRLTVEQNIVIPNVKNEKVEALLA	[S]EPPLLQKFSPQPSSLKKGLVACTGNQFC	480
481	GQAIIETKQRALLVTSQVEKLVSVPRAVRMHWTGCPNSCG	QQVQVQADIGFMGCLTKDSAGK	540
541	IIVEAADIFVGGRVGSDSHLAGAYKKSSVPCDELAPIVADILVERFGAVREREEDEE	596	

(配列番号: 3または6)

6/8

図6

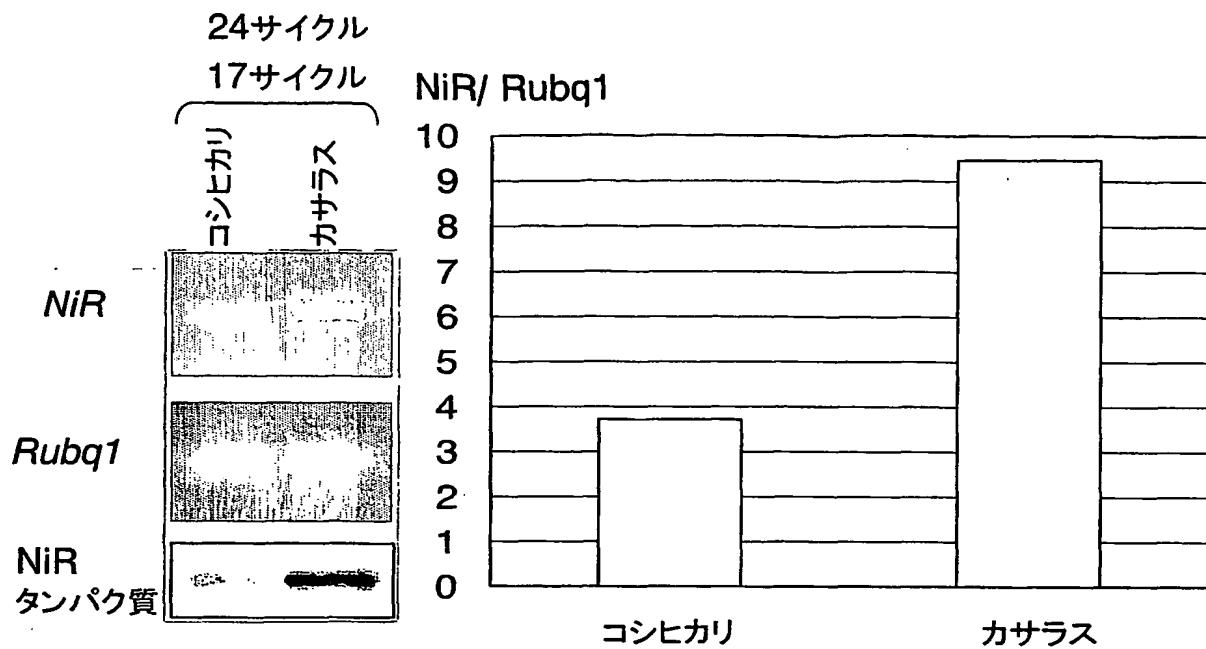
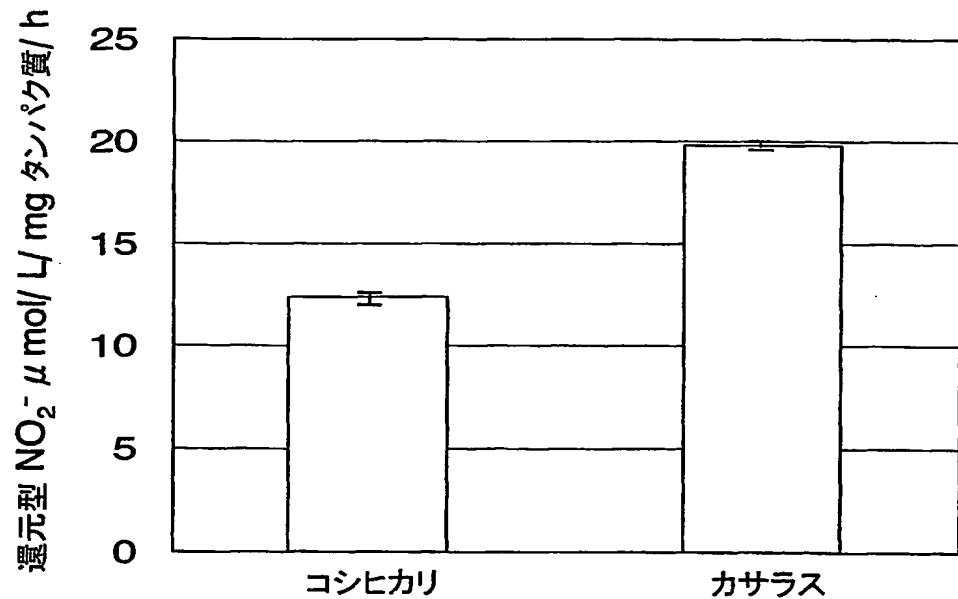
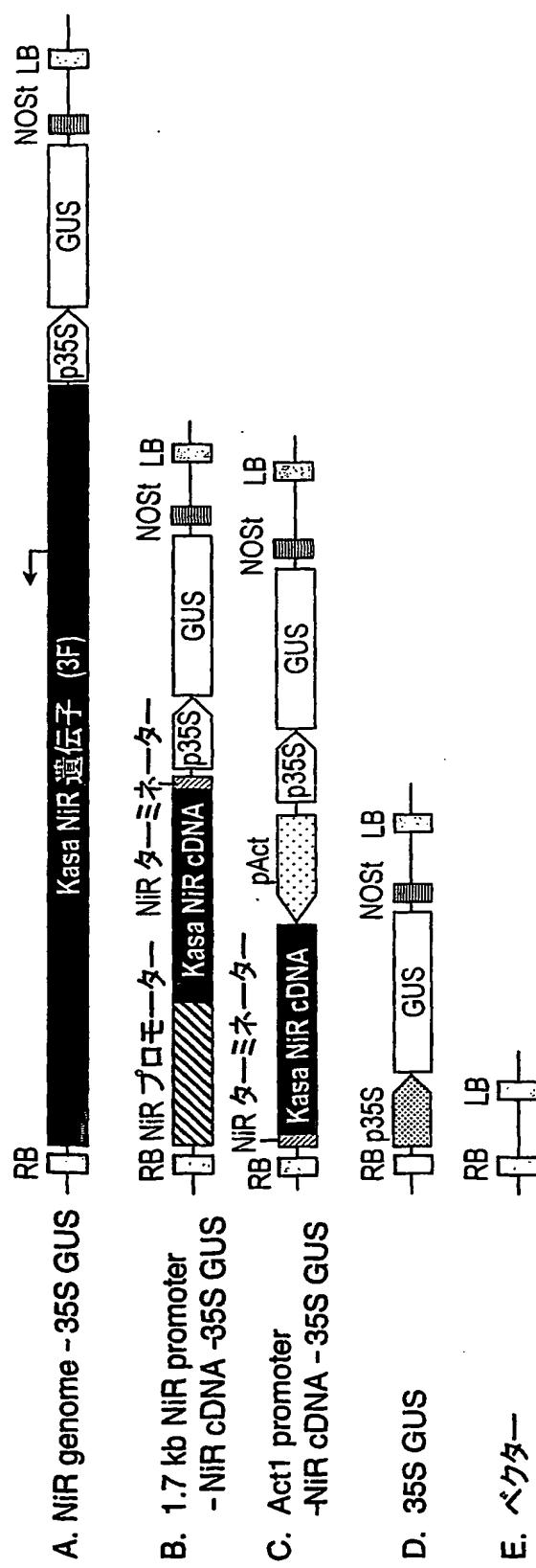


図7

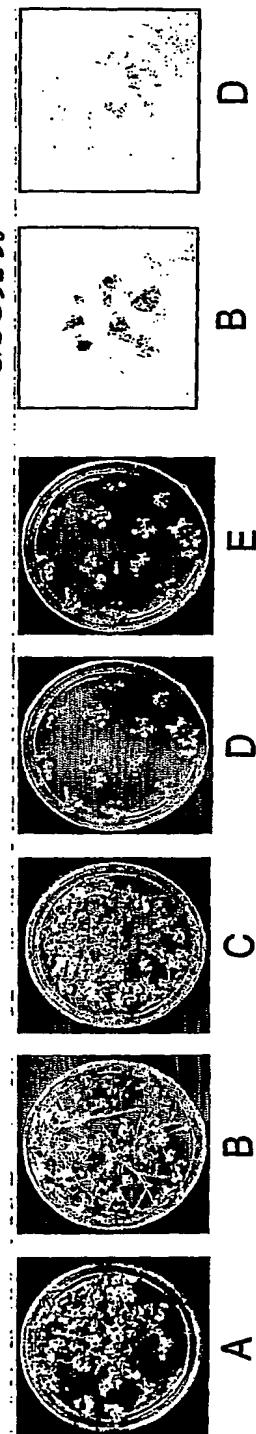


7 / 8

図 8



GUS発現

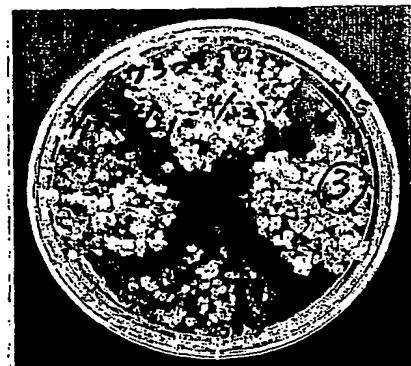


再分化比率

	再分化カルス	GUS染色カルス	GUS染色カルス %
A. NiR genome - 35S GUS	29	28	97
B. 1.7 kb NiR promoter - NiR cDNA - 35S GUS	54	48	88
C. Act1 promoter - NiR cDNA - 35S GUS	42	34	81

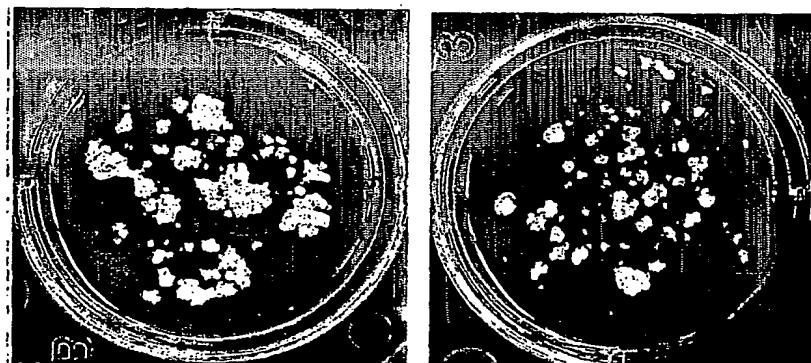
8/8

図9

 $+NaNO_2$ 

b

GUS染色



a

b

1 / 6 8

SEQUENCE LISTING

<110> HONDA MOTOR CO., LTD.

<120> GENES THAT INCREASE REGENERATION ABILITY OF PLANTS AND USES THEREOF

<130> H3-A0301P

<150> US 60/491837

<151> 2003-07-31

<160> 6

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 12161

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> exon

<222> (6010)..(6418)

<223>

2 / 6 8

<220>

<221> exon

<222> (10247)..(10601)

<223>

<220>

<221> exon

<222> (10703)..(10991)

<223>

<220>

<221> exon

<222> (11076)..(11813)

<223>

<220>

<221> misc_feature

<222> (4429)..(4429)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc_feature

<222> (4479)..(4479)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

3 / 6 8

<221> misc_feature
<222> (4520)..(4520)
<223> "n"=a, t, g or c.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4555)..(4555)
<223> "n"=a, t, g or c.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4561)..(4561)
<223> "n"=a, t, g or c.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4563)..(4563)
<223> "n"=a, t, g or c.

<220>
<221> misc_feature
<222> (4577)..(4578)
<223> "n"=a, t, g or c.

<220>
<221> misc_feature

4 / 6 8

<222> (4823).. (4823)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc_feature

<222> (7186).. (7186)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc_feature

<222> (11994).. (11994)

<223> "n"=a, t, g or c.

<400> 1

ctcgagctt tttgactgcc ctaatcaggc gggttccttg tgggacccac ataatgctt 60

ttttaatcgc cttcacgggc tgcattgcaaa ctatacggca tgggacttcc actactagaa 120

aaaacgggcg gtcgaaacac gttttcgcag gcaggcaaac cttccacatg tatcttaacg 180

accgtaaaaa tctccaattt tcacaggtgg accacagcac cggtttcgca ggctacattt 240

cgaatcttcc tgggtgctac agtaaaccac ctgcaaaaat actcacggcg ccaaaaaaaaa 300

tttccggccag ccccccccccc tccctattca aatcacaat cacaattct cacaatctc 360

5 / 6 8

atccaaaaac aaaatccaat ccaaaaatcc atacatcaac acaaagcatt ggattcaaat 420
ccacaacatc aatttacaag ttaacatcaa tcaacatgta agctttaaaa cgaaacgtcg 480
tcgtcgccgg caaactccct tgcatgcggt gccgctgccg cccccctccc cctctgtccg 540
gatttggag ggagggaggg aggtgtttgc cgccaccacc gccctcccct ctccctcgtag 600
ggccggatct cgggagggag gagagggag ccgcctccgc acagccatca acgtccgtgc 660
cgccgtcgcc tcgttcgcac cacggccgtt gcttcccctc ctccggccag atctaggagc 720
ggggaggaag agagggggag ccaccgcccac cgtcgccccc tcgcgtccgc gccgtcgta 780
ccgtccacgc cgccgcgtcc gtgcgcgcgc tgtcgctccc cctcctctgg cgaggaggga 840
gagagagggga gccgtcgccgc cgccgtcgct cccctcccttc ggcgaggagg gagagagggg 900
gagggaagag ggtatggaggg gaggagagtgc gcgcgtgagag agagagagag agacgctgag 960
gagagggaaat gagtggtggg gaggggtgga ggagaagata aggaggactt agatttttt 1020
ttggtaggt atgatttttc caggcggacc acataaggtt ccgcctgcga aaatcaattt 1080
tttcacgcag accacttaag aggtccgcat gcgaaaataa agtattttt ttaggcagac 1140

6 / 6 8

ctcttaagtg gtccgcctgg aaaaattgat tttcacaaggc agatgacgaa aattcacccc 1200
ggtttatatt ttcaagatg cttcatcgac gacatcgacc gcgtcctcta tgacggcaac 1260
gaccgcgtca ccgacaacgg catcgatcac gtcatctacg atgacaacga ctgcataaac 1320
tccgcatacac tattgtgatg actgttacat ggcgtagaag aaccaaccaa agtggtgcc 1380
tcatcgccaa cgacgtcctc tgacatatgc aagacgtccc caatggcatc ctcagacatc 1440
tacaagggtgc aagatgctaa caattacagt ttttgtcttc acactgtggc ataaatattt 1500
ttttcgcct tcggctatac tcggctacac ctacaaccac gttactaca tgatggctc 1560
catcaacgaa catctataac aacaatcatt gacggaaact ccagtcaaga gcgtctgtgt 1620
catcgctatc ttccatgaca ctcccgctat-gactacgtga gggaatagag gagagtcaag 1680
ggacgacacg gaaggagacg taggcaccag gtggaggacc gtccatcaaa gatgcaattt 1740
atgatggtga gttgaagaag atgaagaaat aaaagatttc aaatccagtc gcaatcggtc 1800
gcttcgctcc cgttacgact gagggggat gtttagaagca tagatataatt aattggagat 1860
aagagtcaataaaataga gataagatataat ctcctagatg atagaattct atagataaaaa 1920

7 / 6 8

tagagtcccta gagataaatc tactcttact tgtaccctta tatataacccc atgagaggat 1980

caatgcaata caccgagaat acaacaatta gatttttta cagttgtaac tatgatacgt 2040

tgtaatatgc tggatcgaaaa aagagcgccc gtaatcagt ccccagagat gtaggtctcg 2100

gctgaactcc attatcaaatt accgtacctc ggtgttgtca tcatgtttga atcttctatg 2160

acgtttcctt tgcattcggt ttgcgtatgtg acttcaggc tggtttata ataatgatta 2220

tagtgctgtg acggcaatcg gttgtgagaa ttagctattc gggccctcc atgtgatttt 2280

cttgtgattt ggatgtatgg taatgctagg gtttttaaggt gtaggattgg tgcatgagag 2340

atcatcaatt cacttgtatg accttctctc cttttatatt tttttatcat tctctccctt 2400

tttttataat gctactgaac tagtggaaa cagggacta atgcaaaata aaagaaaagt 2460

atcaactggc acggcataca atttagaaag tgtgtgattt aggcatacag ctgaccacga 2520

ccctttacga cttggtcgct cggtttgtta gacgatagat caaccaacaa aagctacgat 2580

acatgatgtt cgtgtcagga tacaaatcct tacaaataac aacagttatt gttcgataac 2640

ttttatcagt tgtctaggct taccaatgtt taatagaaga tgaaaattcc atattactgg 2700

8 / 68

tatcgatcaa tgctagtaac tcttgagct ttgtctaggt taaaaaaaaat tatggatcca 2760
ccatcacaaa aatgaaaaac accggggaaa acaaaaaacc attaataac agcacaagac 2820
aaaatgatgt taccgtctac ccgagctcct actccgtacc agcacaacca aacgaacagt 2880
acccgccggg tcagggcac gttcgtaaat ttccctcccg tggctggctg gctgccatct 2940
ctctcagcca gggttggtaa tttcgccgt ttcgggtgggt cccgatagta aatgagctcc 3000
agtcaaaacg ccctctgcct cccctcattt cgccacacgc acacccgatc tagatccaga 3060
tegaaaaat cgccatctcg cegagtcgcc agtcgccc tcaacgccc tcgcccgtacc 3120
gccggcgctg cacgcccccc tccaagccgt cgccccatcg ccccccagccg cccgggtggtg 3180
gggcagcgga tgccgagctt ggcgagggtt ccgaggacga accaggcgag gaggacgagg 3240
atcttgtcga cgagccagag cgggagccac gccatgagca acacggcgag ctcgaacgtg 3300
gacttgcga gcacctcgcc agggaggacg tggacggcgt cgccgaccac catgcgggg 3360
agggcgctgt ggtcgagag gtcgagcgac accaccatgc cggagttgcc gcacccgacg 3420
acgagcacct tcttgccgcg gtacgcctcg ccggacttgt agaccgacgac atgcacacc 3480

9 / 6 8

tcgctgctat atttgttctt ggactgtgga gacttgctgt cagtgggtgt gttcagaatt 3540
gctgctgcag ctgcagcgaa atttgtgatg cagcagctac agcttgtatg gctgccgagt 3600
agagcgagtg ttgctatctg tttttgttc tcttttcag aaatttcgcc cgcaaatttt 3660
aaatttgaat tcaaattttt aaaagaacta gcaaataatgc ccgtgcgttg caccgggtga 3720
atatcaaaca aatattgatg ggtaagattt cttgtgtact tataacacat atgcacaaaa 3780
atattgaata tgtacataacc tcgcaaataat ctccaaattt tatacatatg agttgtgtaa 3840
atcggtgttag ttccatattt tcatgtttagt atggaggattt actgtatgagc ccatctatgg 3900
tgataatttt ggagggtttagt gctcaacgaa tttgtattttt ctatgtatctt caacgtttagt 3960
aagtcaactac cacaaccatc ggcgaccttt ctcggatcc aagcatgttg accccgccaa 4020
cgtggcgtcg gtgcagggca ccgagatgaa caccacgggg ctatgtgcctt gtccagggtc 4080
atcctaggct taaggccacg acactcaagg acgtggtggg cggcgatcgag gaggtgctcc 4140
aagcgaacaa gctggccacc aaggaggacg ccgacaaggt ggcggccacc gctatgcaga 4200
acgatgggag gcacgcccgggt gacgacaagg agctaacacg atccattttag tcccgatccg 4260

10 / 68

agttgatcag gaattcaatc ctgcacccgg cggttacgtt tttcttctcc gcgggaaaag 4320
caatcacccga tgtagggac aaagtgtgtg tgagaacgga ggccaggcca aagtgcgtgc 4380
gagaacggag gctaggccat cgctggattt gatttacgaa tgaaatatng atgtgacgaa 4440
cagaaaatta tcagtttgat ttaattttca taatcganc tctttatag gaaaaaaaat 4500
tacatgtacg ttccatcatn gtgccatgt ccatccggga gtccagggtt attcncaaag 4560
ncncaatcaa cagctannaa tccatgtcct tccccgggt tccctactct gcttttttt 4620
ctttcatttg aaaccttccg ctatgaattt ctagtcgttc ctagcatcca cgcacacaaa 4680
atagatttcc ctgcgaaggc aaaacataca aatatgagtg catgcaagat attacaacc 4740
caatccatta aaaatagaac ataattaact ttagcctacc tatctcaata ttggtatatg 4800
cccaaactca aaaggagaaa aancaaacta aaactttaa taaagtgacc ccaagagata 4860
aaaaggtgat agtaacaaca aaatctact tgacaatgtc gttgatcagc actatttta 4920
aatattactt aaaaatctt atatttacct attaaaacaa tgaaaaacag aagatgtttc 4980
tttttattt acaacagcgt tgtatTTAGT catgtcctat ctaagagaga aaaatgaatt 5040

11 / 68

taacgaaaag aagctcagaa aaaaaaaaga gaacagggcc accacaccag taatccctat 5100
gttatcaatg aaaaaaaatt tcaatgctag gtttttata agaaaaggta ataaagtgtt 5160
gaaaaataca gcagggaaatt atatatcttg ctggttAAC attaattcaa gcatatagat 5220
ataaaaatat atcaggctag gaaaggaaaa ggataaaatt ggagagaaaa aggaaaaagaa 5280
cagtagagga taaccagcaa aaagatgaaa ggattcgaac ccatgaccta gcgttacaat 5340
tgtttcacag gctaaccaat cgagaatcat cgacgttagt taatcttgc tagctacatt 5400
tgaaaaaaata tgTTTgagc tgaacgttgg tgtgtccgcc cctgcattcg atacatgtt 5460
gagcgtggag cgccgtaata tctccttctc tctcgtcgct ttctgcgtct ccccgtctct 5520
ccttcgccaa cagccgagaa gaggcagaga gagegcccgc ccccgccct ctctccct 5580
ctcgtccctcg cccccatccc tctcgtcttt cccttgccgg cagcagagga ggcggcagcg 5640
acggcttcag ctgctccac gggccggatc gggcagtggc ggtggcgtcg gcggcttccg 5700
ctggcgaatc cggcgggtga atcgggtgaa atttgggtga ccccgatac aaatcagtgt 5760
tccgataggt aataccctgc tctcagcatac tgccctttg aattgcCAA gagccagcat 5820

1 2 / 6 8

ctgccctttt gaattcgcca agggccagca tctgcccatt tgattttgaa ttgcggcaaga 5880

gccagcaaca gcgcgcgcgc gccccctccc tcctccgcaa taaacagcca cacgcggcgc 5940

ccccatgtcc accctcatcg ccacagcgca ccaccaccac caccaccacc accaccaccg 6000

tctccagcc atg gcc tcc tcc gcc tcc ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac 6051

Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr

1 5 10

ccc cac gcg gca gca tcc cgc tgc cgc cct ccc ggc gtc cgc gcc cgc 6099

Pro His Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg

15- 20 25 30

ccc gtg cag tcg tcg acg gtg tcc gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg 6147

Pro Val Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Thr Pro Ala

- 35 40 45

gcg gac gag gcc gtg tcg gcg gag cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag 6195

Ala Asp Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln

50 55 60

cgg gag ggc cgg tac tgg gtg ctc aag gag aag tac cgg acg ggg ctg 6243

Arg Glu Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu

65 70 75

13 / 68

aac ccg cag gag aag gtg aag ctg ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc 6291
Asn Pro Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe
80 85 90

atg gag ggc ggc atc aag gag ctc gcc aag atg ccc atg gag gag atc 6339
Met Glu Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile
95 100 105 110

gag gcc gac aag ctc tcc aag gag gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg 6387
Glu Ala Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp
115 120 125

ctc ggc ctc ttc cac cgc cgc aag cat cag t gtatgcctct cttctcttgc 6438
Leu Gly Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln
130 135

tcctctgatc aacacatttt cttgctttcg ttcggttatt tgtcgcccg aggaagttaa 6498

ttcgccaaga tattctgcag tttttttct cgatgcacat tcagcaacct aatataagact 6558

gattaagttg ctgtgatttt tatagcttaa ttacggctc gtggtaatg actattata 6618

tttagttaaac atggttaccc ttgatccaat cactcaccc ccatgtgccat tatataggcc 6678

caggctctac caagtaacac tagtaatatg cccgtctac gacacgggtgg cataataat 6738

14 / 68

cattaaattt tattataatc aaattaagga tcctaaaatt ggtccaaattt ggtgttaatt 6798
cgatgcaggt catataaaa tatatttttag gcaagggtgca attcaagagc atcaaccatt 6858
atatccaatc actttaatat atatttgaag ataacatatg tcggaaaaaa aatgatggag 6918
agctatttca ttaacttgtg agcataaaca gatcaccaga tgatgccacc ataagtcccg 6978
ccacagtaag tgatgcagct catcttgccc taggcgttcg gtctaaccag tagatagaaa 7038
gagtacaaca tagatcgaat gaaaaaaaaa atctccagaa gaaagctcaa ccacattgag 7098
taaatttagag caacaatcaa atcgagtcag catatcgta tgtagcaga accaatcacc 7158
acaatttgtt ttcctcttt atctaagngt ttggccagg ttaaaagcat atatcactat 7218
gttccaagca aacatcgca atggacacgt caaaaataaa tgatcaattt gtttttgag 7278
tacaaaattt acaatggaca ctatgttct ttgttagaat tctatttgc agggttaggt 7338
gtagaaaaac ttaactttt gaggaagctt aaatatccgg cataaaacttgc tttttcagc 7398
gctctataaa ataattcaac agtgaattgt ccatctttc taagtgcctt aaaagacact 7458
aagttgaaaa accaggtgaa ccaacagatt gatccacaaa atcttattat tagattttc 7518

1 5 / 6 8

actaaaaagc ctgtctttat ttcaaacata taaaaacaga agttattaat cagggaaagcg 7578

cttatggcag cctgagcgaa ccagtgatag caagtggtaa aaacagtaaa taggatacat 7638

aaaaattata caaggtttct actgtttatc gaaaaaaaaat attgaaaac agtaaatagg 7698

atacataatc gacttccaac ttgtccttat cataacatcc agaatcacaa caagaattgc 7758

aacgaataaca tagtcgactt gagctaagaa gtcacaagac ctgtcaaagt aagctgccct 7818

tgatcttcaa gtgaaaggca tattttatttgc ttttccttgg caaacagata tcactgtctt 7878

cagcagttca gttagataat ccaagatttc tcacggagaa gagcatatca ctcacatcag 7938

tgttgtgccc tccaaatact gagataaact gaattttgtt ctcttgaag catctgcagg 7998

cattaacaat aataatactt tacaaagttt cattgggtct aaactattgt ttgcacatca 8058 --

tatatatgcc cagaactttt tagcatgata caagggcct gttcataact catgcctaaa 8118

tctgacaaat ttgtcaaacg acaatataag tcgaattata atgcgttttta gaattgacgc 8178

caaaactttt gctagcgtaa gtaactcttc cacctccag catgcataca accaacaagc 8238

taaacttttgc ttcaaaaaaa tgtacatTTA tttccttggaa cacagccttt gttagaatatg 8298

16 / 68

ataaaaaact catggatgaa tgaataatg taaaagaatg gtcaaaatga tgaatagtac 8358
aagaagcaac tgtgaacatt tcacccttac ctgactgttc gcaagaaggc cacgtggcag 8418
aaaagccaga aatgcaagaa gcttccctaa ttgatacaccc atcaagaaat caatggactc 8478
aacaccagcg tccgcccaga caaaatgaat gcagggcacct aaaatataga accattgact 8538
tttcaacact gaatttatata acctgaatat cttgtttgt taacacatct gacaaaatca 8598
gtgcattctg ttccatatacg atgtatgcat agctcccata tgtagttga tcgatgagca 8658
tgcaaactat acacaccta cgttactccc tctgtcaaaa aaaatataag cttgtctaga 8718
tacatagcta caaatgctta tattttgga ttctcttaaa gctgttagaaa cttttatcgc 8778
cccgccatgg caagtcgagc tgccatcccc aatgaaagcc cccacacagg tttcatgcc 8838
tgctgcacaa tattgagcaa ccaaaaatat aataatattt gtgtcagaat ttgaatcaac 8898
cttacagata ctgggtggcc agaaaatcta gtccaagtaa tattctgaaa aatagcaact 8958
ggcaaatact aaaggcagtg aagagttcc ttttagatcag atgataaaaaa aaaatcatat 9018
gttcaatagc aataatcact cacatffff ttgctgtta gaatttagat aaatagtagt 9078

17 / 68

taaac ttctca tagcttgcgt agctaagatc aatggtgatt attagttgaa aaaataatca 9138
aatcatcaaa ctgaggagac ttatacctgc cataagttct gaaatttcaa tgatcctagt 9198
caatatttac tgtatataata gaatttaggtc caaaagatga tacttacaat taaggatgtt 9258
gtattgatcg gttcataact caagcttctta tttatcatta atcaaaagct ggatcattca 9318
tgcatataacc tttgccgcac tcaacatagc agctcggagt cttctttgtt cagaagc gag 9378
gaaggagtca acaaataagt actgcaatgt taaacaaacc gacatatcaa atcccaaatt 9438
aagaatgcat gatttattaa tacaggaat atatgatcaa gtcccaaaaa gtgagtc atg 9498
ttatgtacac tcagtcatca atttcaataa gaatattaac ttgctcattt gtatatggat 9558
ttgattatga cataatttga -caatacattt acagaataaa cttgcagtgc tgtgagcata 9618
tgttactaac atgtaaggac cttgtttgc tctgttcaat actcatgtt atcttgatct 9678
gtgtccacat atacctaaat gaaatgaaat caaagaatga ggtttgtagg agtggagtt 9738
gtgaattata gggtagataa tgcggcaca accgtttgat aagtagtacg agtactttat 9798
ttggcgccac cgccgcagca tcagatgtgt ggccttgca ctgattgaac ccaaaagaaa 9858

18 / 68

aaaaaaaaatc gtttggtcc cacacaattc tacttcatct gcaggatgtt cagaaggta 9918

cataatctatt ctgttctatg ctctgtttac atttataagg gctcaacttgg tggctgtcat 9978

tggttggctg gtgcggata ttactaatag gtttttaat ggcataatag ttcttaaaat 10038

aaaccagaaa agcaaaagat caactatctt agccacacca atgaaatgga atatactgaa 10098

ctgtcacggc taaaattctc ttcaagtacc tggcccagct ggagccgtgg gctcgctgc 10158

ttttctaaac atgtactagt attttggggg cccacagtga atttggccca aaatgctgac 10218

agccgctcta cggtctacg ctgtcag at ggg cgg ttc atg atg cgg ctg 10269

Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu

140

— aag ctg cca aac ggt gtg acg acg agc gag cag acg agg tac ctg gcg 10317

Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala

145

150

155

160

agc gtg atc gag gcg tac ggc aag gag ggc tgc gcc gac gtg aca acc 10365

Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr

165

170

175

cgc cag aac tgg cag atc cgc ggc gtc acg ctc ccc gac gtg ccg gcc 10413

Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala

19 / 68

180

185

190

atc ctc gac ggg ctc aac gcc gtc ggc ctc acc agc ctc cag agc ggc 10461
Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly

195

200

205

atg gac aac gtc cgc aac ccc gtc ggc aac ccg ctc gcc ggc atc gac 10509
Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp
210 215 220

ccc gac gag atc gtc gac acg cga tcc tac acc aac ctc ctc tcc tcc 10557
Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser
225 230 235 240

tac atc acc agc aac ttc cag ggc aac ccc acc atc acc aac ct 10601
Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu
245 250 -

gtgagtgatc gaatcaactt gatcatgctc tgtgctgtgc tttcgatgc 10661

acatgttgt tgaatttgtt gttgctgcgt gctgttggca g g ccg agg aag tgg 10715
Pro Arg Lys Trp

aac gtg tgc gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac gag cac ccg cac atc 10763
Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His Pro His Ile

20 / 68

260	265	270	275
aac gac ctc gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc ggc aag ttc ggg ttc			10811
Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys Phe Gly Phe			
280	285	290	
aac ctc ctt gtc ggc ggg ttc atc agc ccc aag agg tgg gag gag gcg			10859
Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp Glu Glu Ala			
295	300	305	
ctg ccg ctg gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac atc atc ccg gtg tgc			10907
Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile Pro Val Cys			
310	315	320	
aag gcc gtt ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc acc agg ggc aac cgc			10955
Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg Gly Asn Arg			
325	330	335	
cag aag acc cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa ctt gtgaggctcc			11001
Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu			
340	345	350	
attcatccac gccattgact gaattacgta tgtcccaatg ttcttatcag ttaattgcgg			11061
tgttggcatt gcag gga atg gag gct ttt cgg tcg gag gtg gag aag agg			11111
Gly Met Glu Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg			

21 / 68

	355	360	
atg ccg aac ggc gtg ctg gag cgc gct gcg ccg gac gac ctc atc gac			11159
Met Pro Asn Gly Val Leu Glu Arg Ala Ala Pro Asp Asp Leu Ile Asp			
365	370	375	
aag aaa tgg cag agg agg gac tac ctc ggc gtg cac ccg cag aag cag			11207
Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln			
380	385	390	395
gaa ggg atg tcc tac gtc ggc ctg cac gtg ccc gtc ggc cgg gtg cag			11255
Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln			
400	405	410	
gcg gcg gac atg ttc gag ctc gcc cgc ctt gcc gac gag tat ggc tcc			11303
Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser			
415	420	425	
ggc gag ctc cgc ctc acc gtg gag cag aac atc gtg atc ccg aac gtc			11351
Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val			
430	435	440	
aag aac gag aag gtg gag gcg ctg ctc gcc gag ccg ctg ctt cag aag			11399
Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala Leu Leu Ala Glu Pro Leu Leu Gln Lys			
445	450	455	

22 / 68

ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg ctc aag ggc ctg gtc gcg tgc acc 11447
Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr
460 465 470 475

ggc aac cag ttc tgc ggc cag gcc atc atc gag acg aag cag cgg gcg 11495
Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala
480 485 490

ctg ctg gtg acg tcg cag gtg gag aag ctc gtg tcg gtg ccc cgg gcg 11543
Leu Leu Val Thr Ser Gln Val Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala
495 500 505

gtg cgg atg cac tgg acc ggc tgc ccc aac agc tgc ggc cag gtg cag 11591
Val Arg Met His Trp Thr Gly Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln
510 515 520

gtc gcc gac atc ggc ttc atg ggc tgc ctc acc aag gat agc gcc ggc 11639
Val Ala Asp Ile Gly Phe Met Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly
525 530 535

aag atc gtc gag gcg gcc gac atc ttc gtc ggc ggc cgc gtc ggc agc 11687
Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser
540 545 550 555

gac tcg cac ctc gcc ggc gcg tac aag aag tcc gtg ccg tgc gac gag 11735
Asp Ser His Leu Ala Gly Ala Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu

23 / 68

560

565

570

ctg gcg ccg atc gtc gcc gac atc ctg gtc gag cgg ttc ggg gcc gtg 11783
Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val

575

580

585

cgg agg gag agg gag gac gag gag tag gagcacagac tggggtggtt 11833
Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp Glu Glu

590

595

tgcttgctcc ggtgatctct cgccgtcctt gtaaaagtaga cgacaatatg cttcgccca 11893

tggcacgcctt gtactgtcac gttttggttt gatctttag cccaaaagtt gtgttcattc 11953

tcgttacagt cttacagagg atgattgatt gataaataaa naagaaaacag attctgcaac 12013

tgttcatcgc tggccttaaa tctgatttcg cgatagtatc ttgtctgacc tgtcccaatc 12073

gcagtgtctaa aaccatataa tcttgcaagc aaatgaaatt gaaagagttc aatgcaacca 12133

ctaacggtct aacaacatga taaggcct 12161

<210> 2

<211> 2519

<212> DNA

24 / 68

<213> Oryza sativa

<220>

<221> CDS

<222> (532)..(2322)

<223>

<400> 2

tatctcccttc tctctcgctcg ctttctgcgt ctccccgtct ctccttcgccc aacagccgag 60

aagaggcaga gagagcgccg ccccccgtcc ctctctctcc ctctcgctct cgccccatc 120

cctctcgctct ttcccttgcc ggcagcagag gaggcggcag cgacggcttc agctgctccc 180

acgggccgga tcgggcagtgc gcgggtggcgt cggcggcttc cgctggcgaa tccggcgggt 240

gaatcgggtg aaatttgggt gaccccccgt acaaatacgat gttccgatacg gtaataaccct 300

gctctcagca tctgccctt tgaattcgcc aagagccagc atctgccctt ttgaattcgc 360

caagggccag catctgcccc tttgattttg aattcgccaa gagccagcaa cagccccccc 420

gcgccccctc cctcctccgc aataaacagc cacacgccc gccccatgt ccaccctcat 480

cgccacacgcg caccaccacc accaccacca ccaccaccac cgtctccagc c atg gcc 537

Met Ala

25 / 68

1

tcc tcc gcc tcc ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac ccc cac gcg gca 585
 Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His Ala Ala

5 10 15

gca tcc cgc tgc cgc cct ccc ggc gtc cgc gcc cgc ccc gtg cag tcg 633
 Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val Gln Ser
 20 25 30

tcg acg gtg tcc gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg gcg gac gag gcc 681
 Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp Glu Ala
 35 40 45 50

gtg tcg gcg gag cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag cgg gag ggc cgg 729
 Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu Gly Arg
 55 60 65

tac tgg gtg ctc aag gag aag tac cgg acg ggg ctg aac ccg cag gag 777
 Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro Gln Glu
 70 75 80

aag gtg aag ctg ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc atg gag ggc ggc 825
 Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu Gly Gly
 85 90 95

2 6 / 6 8

atc aag gag ctc gcc aag atg ccc atg gag gag atc gag gcc gac aag	873		
Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala Asp Lys			
100	105	110	
ctc tcc aag gag gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg ctc ggc ctc ttc	921		
Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly Leu Phe			
115	120	125	130
cac cgc cgc aag cat cag tat ggg cgg ttc atg atg cgg ctg aag ctg	969		
His Arg Arg Lys His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu Lys Leu			
135	140	145	
cca aac ggt gtg acg acg agc gag cag acg agg tac ctg gcg agc gtg	1017		
Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala Ser Val			
150	155	160	
-atc gag gcg tac ggc aag gag ggc tgc gcc gac gtg aca acc cgc cag	1065		
Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr Arg Gln			
165	170	175	
aac tgg cag atc cgc ggc gtc acg ctc ccc gac gtg ccg gcc atc ctc	1113		
Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala Ile Leu			
180	185	190	
gac ggg ctc aac gcc gtc ggc ctc acc agc ctc cag agc ggc atg gac	1161		
Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly Met Asp			

27 / 68

195	200	205	210	
aac gtc cgc aac ccc gtc ggc aac ccg ctc gcc ggc atc gac ccc gac				1209
Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp Pro Asp				
215	220	225		
gag atc gtc gac acg cga tcc tac acc aac ctc ctc tcc tcc tac atc				1257
Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser Tyr Ile				
230	235	240		
acc agc aac ttc cag ggc aac ccc acc atc acc aac ctg ccg agg aag				1305
Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro Arg Lys				
245	250	255		
tgg aac gtg tgc gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac gag cac ccg cac				1353
Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His Pro His				
260	265	— 270		
atc aac gac ctc gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc ggc aag ttc ggg				1401
Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys Phe Gly				
275	280	285	290	
ttc aac ctc ctt gtc ggc ggg ttc atc agc ccc aag agg tgg gag gag				1449
Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp Glu Glu				
295	300	305		

28 / 68

gcg ctg ccg ctg gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac atc atc ccg gtg 1497
Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile Pro Val
310 315 320

tgc aag gcc gtt ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc acc agg ggc aac 1545
Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg Gly Asn
325 330 335

cgc cag aag acc cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa ctt gga atg gag 1593
Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly Met Glu
340 345 350

gct ttt cgg tcg gag gtg gag aag agg atg ccg aac ggc gtg ctg gag 1641
Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val Leu Glu
355 360 365 370

cgc gct gcg ccg gac gac ctc atc gac aag aaa tgg cag agg agg gac 1689
Arg Ala Ala Pro Asp Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp
375 380 385

tac ctc ggc gtg cac ccg cag aag cag gaa ggg atg tcc tac gtc ggc 1737
Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly
390 395 400

ctg cac gtg ccc gtc ggc cgg gtg cag gcg gcg gac atg ttc gag ctc 1785
Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu

29 / 68

405	410	415
gcc cgc ctt gcc gac gag tat ggc tcc ggc gag ctc cgc ctc acc gtg 1833		
Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val		
420	425	430
gag cag aac atc gtg atc ccg aac gtc aag aac gag aag gtg gag gcg 1881		
Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala		
435	440	445
450		
ctg ctc gcc gag ccg ctg ctt cag aag ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg 1929		
Leu Leu Ala Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu		
455	460	465
ctg ctc aag ggc ctg gtc gcg tgc acc ggc aac cag ttc tgc ggc cag 1977		
Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln		
470	475	480
gcc atc atc gag acg aag cag cgg gcg ctg ctg gtg acg tcg cag gtg 2025		
Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser Gln Val		
485	490	495
gag aag ctc gtg tcg gtg ccc cgg gcg gtg cgg atg cac tgg acc ggc 2073		
Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp Thr Gly		
500	505	510

30 / 68

tgc ccc aac agc tgc ggc cag gtg cag gtc gcc gac atc ggc ttc atg 2121
Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly Phe Met
515 520 525 530

ggc tgc ctc acc aag gac agc gcc ggc aag atc gtc gag gcg gcc gac 2169
Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp
535 540 545

atc ttc gtc ggc ggc cgcc gtc ggc agc gac tcg cac ctc gcc ggc gcg 2217
Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala Gly Ala
550 555 560

tac aag aag tcc gtg ccg tgc gac gag ctg gcg ccg atc gtc gcc gac 2265
Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp
565 570 575

atc ctg gtc gag cgg ttc ggg gcc gtg cgg agg gag agg gag gag gac 2313
Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp
580 585 590

gag gag tag gagcacagac tgggtggtt tgcttgctcc ggtgatctct 2362
Glu Glu
595

cggcgtcctt gtaaagtaga cgacaatatg ccttcgccca tggcacgctt gtactgtcac 2422

31 / 68

gttttggttt gatctttag cccaaaagtt gtgttcattc tcgttacagt cttacagagg 2482

atgattgatt gataaataaa gaagaaacag attctgc 2519

<210> 3

<211> 596

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 3

Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His
1 5 10 15

Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val
20 25 30

Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp
35 40 45

Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu
50 55 60

Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro
65 70 75 80

32 / 68

Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu

85 90 95

Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala

100 105 110

Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly

115 120 125

Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu

130 135 140

Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala

145 150 155 160

Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr

165 170 175

Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala

180 185 190

Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly

195 200 205

Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp

210 215 220

33 / 68

Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser

225 230 235 240

Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro

245 250 255

Arg Lys Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His

260 265 270

Pro His Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys

275 280 285

Phe Gly Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp

290 295 300

Glu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile

305 310 315 320

Pro Val Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg

325 330 335

Gly Asn Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly

340 345 350

Met Glu Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val

34 / 68

355 360 365

Leu Glu Arg Ala Ala Pro Asp Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg
370 375 380

Arg Asp Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr
385 390 395 400

Val Gly Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe
405 410 415

Glu Leu Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu
420 425 430

Thr Val Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val
435 440 445

Glu Ala Leu Leu Ala Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro
450 455 460

Ser Leu Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys
465 470 475 480

Gly Gln Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser
485 490 495

35 / 68

Gln Val Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp

500 505 510

Thr Gly Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly

515 520 525

Phe Met Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala

530 535 540

Ala Asp Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala

545 550 555 560

Gly Ala Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val

565 570 575

Ala Asp Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu

580 585 590

Glu Asp Glu Glu

595

<210> 4

<211> 12179

<212> DNA

<213> Oryza sativa

3 6 / 6 8

<220>

<221> exon

<222> (6001)..(6409)

<223>

<220>

<221> exon

<222> (10255)..(10609)

<223>

<220>

<221> exon

<222> (10712)..(11000)

<223>

<220>

<221> exon

<222> (11094)..(11831)

<223>

<400> 4

ctcgagcttt tttgactgcc ctaatcaggc gggttccttg tgggacccac ataatgcttt 60

ttttaatcgc citcacggc tgcatgcaa ctatacggcg tggtaacttcc actactagaa 120

37 / 68

aaaacgggct tttcgaggc gggcaaacct tccgcattgtatattaacgac cgtaaaaatc 180
tccaattttc acaggtggac cccagcacccg cctgcgaaaa taatttcgc aggctgcatt 240
tcgaatcttc ctgggtgcta cagtaaacca cctgcgaaaa tactcacggc gccaaaaaaaa 300
aaatttccgc cagccccgcc ccctccctat tcaaattcaca aattctcaca aatctcatcc 360
aaaaacaaaa ttcaatccaa aaatccatac atcaacacaa agcattggat tcaaattccac 420
aacatcaatt tacaagttaa catcaatcaa catgtaagct ttaaaacgaa acgtcgctgt 480
cgccggcaaa ctccctttgc atgcggtgcc gccggccccc ccctcccccc tctgtccgga 540
tttgggaggg agggaggtgt ttgcgcac caccgcctc ccctctcctc gtagggccgg 600
atctcgggag ggaggagagg ggagccgcct ccgcacagcc atcaacgtcc gtgccgcccgt 660
cgccctcggttc gcaccaccgc cggtcgcc cctcctccgg ccagatctag gagcggggag 720
gaagagaggg ggagccacccg ccaccgtcgc cccctcggtt ccgcgcgtc gtcacccgtcc 780
acgcccgcgc gtcgtgcgc ccgctgtcgc tccccctcct ctggcgagga gggagagaga 840
gggagccgtc gcgcgcgtt cgctccctc cttcggcgag gagggagaga gggggaggga 900

38 / 68

agagggatgg aggggaggag agtggcgctg agagagagag agagagacgc tgaggagagg 960
aatgagtgg tggggagggg tggaggagaa gataaggagg acttagattt ttttttggg 1020
taagtatgat tttgcaggc ggaccacata aggttccgcc tgcgaaaatc aatttttcg 1080
cgcagaccac ttaagaggtc cgcatgcga aataaaggta ttttttagg cggacctctt 1140 ()
aagtggtccg cctggaaaaaa ttgatttcg caagcggatg acgaaaattc accccggttt 1200
atatttcga agatgcttca tcgacgacat cgactgcgtc ctctatgaca gcaacgaccg 1260
cgtcaccgac gacggcatcg atcacgtcat ctacgatgac aatgactgca tcaactccgc 1320
atcaactattg ttagtactgt tacacggcgt agaagaacca accaaagtgg tggcttcatc 1380
gccaacgacg tcctctaaca tatgcaagac gtccccatg gcatcctctg acatctacaa 1440 ()
ggtgcaagat gctaacaatt acagttttg tcttcacact gtggcataaa tattttttt 1500
caccttcggc tatacgccg tacacctaca accacggta ctacatgatc ggctccatca 1560
acgaacatct ataacaacaa tcattgatgg aaactcttagt caaagcgtct gtgtcatcgc 1620
tatcatccat gacactcccg ctatgactac gtgaggaaat agataagagt caagggacga 1680

39 / 68

cacggaagga gacgtaggca ccaggtggag gaccatccat caaagatgca attgatgatg 1740
gtgagttgaa gaagatgaag aaataaaata tttcaaattcc agtcgcaatc attcgcttcg 1800
ctcccgttac gactgagggg gaatgttaga agcatagata tattaattgg agataagagt 1860
catacaaata tagagataag atatcatcct agagatagaa tcctagagat aaaatatagt 1920
ccttagagata aatctactct tacttgtacc cctatatata cccatgaga ggatcaatgc 1980
aatacacccga gaataacaaca attagatttt tctacggttg taactataat acgctgtaat 2040
atgctggatc gggaaagagc gcccgttaatc agtgccccag agatgttaggt ctgggttcaa 2100
ctccattatc aaataccgta cctcggtgtc gtcatcatgt ttgaatcttc tatgacgttt 2160
cttttgcatt cggttttcga tgtgacttcg gggctggttt tataacaatg attatagtgc 2220
tgttgacggc aatcggttgt gagaattagc tattcggttc cctccatgtg attttcttgt 2280
gattggatg tatgtaatg ctagggttt aaggtgtagg attggtgcat gagagatcat 2340
cacttcactt gtatgacctt ctctcctttt atatttttt atcattctct cctttttttt 2400
ataatgctac tgaacttagtg gaatacaggg gactaatgca aaataaaaga aaagtatcac 2460

40 / 68

tggtcacggc atataattta gaaagtgtgt gatttaggca tagggctgac catgaccctt 2520
tacgacttgg tcgctcggtt tgtagacga tagatcaacc aacaaaagct acgatacatg 2580
atgtacgtgt caggatacaa atccttacaa ataacaacag ttattgttcg ataactatca 2640
gttgtctagg ctaccaatg tataatagaa gatgaaaatt ccatattact ggtatcggtc 2700
aatgctagta actcttttag ctttgtctag gttaaaaaaaaaa aaattatgga tccaccatca 2760
caaaaaatgaa aaacaccggg gaaaacaaaaa aaccatttga tagcagcaca agacaaaatg 2820
atgttaccgt ctacccgagc tectactccg taccagcaca accaaacgaa cagtacccgc 2880
cgaccaggc gcacgttcgt aaatttcct cccgtggctg gctggctgcc atctctctca 2940
accagggttg gtaatttcgg ccgtttcggt gggtcccgt agtaaatgag ctccggtaaa 3000
aacgccctcc gcctccccctc attgcgccgc acgcacacccg catctagatc cagatcgaaa 3060
aaatcgctat ctcgcccagt cgccagtcac cgcctcgacg ccggtcgccc taccggcggc 3120
gctgcacgcc cccctccaag ccgtcgcccc atcgccccca gccgcccagt ggtggggcgg 3180
cgatgccga gcttggcgag gttgccgagg acgaaccagg cgaggaggac gaggatctt 3240

41 / 68

tcgacgagcc agagcgggag ccacgccatg agcaacacgg cgagctcgaa cgtggacttg 3300
ccgagcacct cgccagggag gacgtggacg gcgtcgcgca ccaccatcgcc cgggagggcg 3360
ctgtggtcgc acaggtcgag cgacaccacc atgccggagt tgccgcaccc gacgacgagc 3420
accttcttgc cgccgtacgc ctgcggac ttgttagaccg cgacatgcat cacctcgctg 3480
ctatatttgt tcttggactg tggagacttg ctgtcagtgg gtgtgttcag aattgctgct 3540
gcagcttgca gcgaatttgt gatgcagcag ctgcagcttg tatggctgcc gagtagagcg 3600
agtgttgcta tctgttttg ttctctttt cagaaatttc gcccgcaaattt 3660
aattcaaatt ttaaaagaaa ctagaaaata tgcccgtgcg ttgcaccggg tgaatatcaa 3720
acaatatttg atggtaaga ttgcttgcgt acttataaca catatgcaca aaaatattga 3780
atatgtacat acctcgcaaa tatctccaaa ttttatacat atgagttgtg taaatcatgt 3840
gagttccata ttgtcatgtt aatatggagt attactgatg agcccatcta tggtgataat 3900
tttggagggtt gtagctcaac gaatttgtat ttgctatgtt tctcaacgtt gataagtac 3960
tactacaacc atcggcgacc ttctcgga tccaaggatg tcgaccccgcc caacgtggcg 4020

42 / 68

tcggtgagg gcaccgagat gaacaccacg gggctattt cctgtccagg gtcatcctag 4080
gcttaaggcc acgacactca aggacgtggt aggccgcgtc acagaggtgc tcccagcgaa 4140
caagctggcc accaaggagg acgccgacaa ggtggcggcc accgctatgc agaaacgatg 4200
ggaggcatgc cggtgacgac aaggagctaa cacgatccat ttagtcccga tccgagttt 4260
tcaggaattc aatcctgcac cgtgcgtta cgaaaaattt ttccgcggga aaagcaatca 4320
ccgatggtag ggacaaagtg cgtgtgagaa cagaggccag gccaaagtgc gtgcgagaac 4380
ggaggctagg ccatcgctgg attggattt cgaatgaaat atcgatgtga cgaacagaaa 4440
attatcagtt tgatttaatt ttcataatca gaactcttta ataggaaaaa aattacatgt 4500
acgttccttc atcgtgccc tgtccatctg ggagtccagg tttattcaca aagacccaat 4560
caacagccag gaatccatgt cttccccgc cgttccctac tctgctttt tttcttcat 4620
ttgaaacctt ccgctatgaa ttcttagtcg ttccctagcat ccacgcacac aaaatagatt 4680
tccctcgcaa ggcaaaacat acaaatatga gtgcgttcaa gatattacaa acccaatcca 4740
ttaaaaatag aaaataatta acttttagcct acctatctca atattggat atgccccaaac 4800

4 3 / 6 8

tcaaaaggag aaaaacccaaa ctaaaacttt taataaagtg aacccaagag ataaaaagg 4860
gatagtaaca acaaaaatctc acttgacaat gtcgttaatc aacactgttt ttaaatatta 4920
cttaaaaatc tttatattt cctattaaaa caatgaaaaa cagaagatgt ttcttttta 4980
tttacaacag cggtgttattt agtcatgtcc tatctaagag agaaaaatga atttaacgaa 5040
aagaagctca gaaaaaaaaa gagaacaggg ccaccacacc agtaatccct atgttatcaa 5100
tgaaaaaaaaa ttcaatgct aggttttta taagaaaagg tgataaagtg ttgaaaaat 5160
acagcagggaa attatatatc ttgctggttt aacatgaatt caagcatata gatataaaaa 5220
tatatcaggc taggaaagga aaaggataaa attggagaga aaaaggaaaa gaacagttaga 5280
ggataaccag caaaaagatg aaaggattcg aacccatgac cttagcggtac aattgtttca 5340
caggctaacc aattgagaat catcgacgtt gtgtcatctt gtgtagctac atttgaaaaa 5400
atatgtttt agctgaacgt tgggtgtcc gccctgcat ccgatacatg ttggagcgtg 5460
gagcgcggtta aagaaaaaat cctatcgaac cttatctcct tctctctcg 5520
gtctccccgt ctctccttgc ccaacagccg agaagaggca gagagagcgc cgccccccgt 5580

44 / 68

ccctctctccctctcgcc ctcggccca tccctctcggtttcccttg ccggcagcag 5640
aggaggcggc agcgacggct tcagctgctc ccacggcccg gatcggcag tggcggtggc 5700
gtcggcggct tccgctggcg aatccggcgg gtggatacaa atcagtgttc cgataggtaa 5760
aacccctgctc tcagcatctg ccctttgaa ttgcggcaaga gccagcatct gccctttga 5820
attcgccaag ggccagcatc tgcccatttgc attttgaatt cgccaaagagc cagcaacagc 5880
gccccccgcgc cccctccctc ctccgcaata aacagccaca cgccggccccc ccatgtccac 5940
cctcatcgcc acagcgcacc accaccacca ccaccaccac caccaccacc gtctccagcc 6000
atg gcc tcc tcc gcc tcc ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac ccc cac 6048
Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His
1 5 10 15
gcg gca gca tcc cgc tgc cgc cct ccc ggc gtc cgc gcc cgc ccc gtg 6096
Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val
20 25 30
cag tcg tcg acg gtg tcc gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg gcg gac 6144
Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp
35 40 45

45 / 68

gag gcc gtg tcg gcg gag cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag cgg gag 6192
 Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu
 50 55 60

ggc cgg tac tgg gtg ctc aag gag aag tac cgg acg ggg ctg aac ccg 6240
 Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro
 65 70 75 80

cag gag aag gtg aag ctg ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc atg gag 6288
 Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu
 85 90 95

ggc ggc atc aag gag ctc gcc aag atg ccc atg gag gag atc gag gcc 6336
 Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala
 100 105 110

gac aag ctc tcc aag gag gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg ctc ggc 6384
 Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly
 115 120 125

ctc ttc cac cgc cgc aag cat cag t gtagccctct cttctttgc 6429
 Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln
 130 135

tcctctgatc aacacatttt cttgccttcg ttcggattt tgtagccgg aggaagttaa 6489

46 / 68

ttcgccaaga tattctgcag tttttttct cgatgcacat tcagcaacct aattaagact 6549
gattaagttg ctgtgatttt tatacgctaa ttacggtctc gtgggtaatg actattata 6609
ttgagtaaac atggttacct ttgatccaat cacttcacct ccatgtgccatatacgcca 6669
caggctctac caagtaaacac tagtaatatg cctgtgatac gccacggtgg cataataaat 6729
cattaaattt tattataatc aaattaagga tcctaaaatt ggtccaattt ggtgttaatt 6789
cgatgcaggt catataaaaa tatatttttag gcaagggtgca attcaagagc atcaaccatt 6849
atatccaatc actttaatat atatttgaag ataacatatg tcggaaaaaa aatgatggag 6909
agctatttca ttaacttgtg agcataaaca gatcaccaga tgatgccacc ataagtcccg 6969
ccacagtaag tgatgcagct catcttgccc taggcgttgc gtctaaccag tagatagaaa 7029
gagtacaaca tagatcgaat gaaaaaaaaa atctccagaa gaaagctcaa ccacatttag 7089
taaatttagag caacaatcaa atcgagtcag catatcgta tggtagcaga accaatcacc 7149
acaatttgtt tctcctcttt atctaagtgt tttgccaggt taaaagcata tatcactatg 7209
ttccaagcaa acatcgccaa tggacatgtc aaaaataaat gatcaattgt ttctttgagt 7269

47 / 68

acaaaattga caatggcac ac tatgttcctt tgttagaatt ctat ttgtca gggtaggatg 7329

tagaaaaact taacttttag aggaagctta aatatccggc ataaacttgc ttttcagcg 7389

ctctataaaa taattcaaca gtgaattgtc catctttct aagtgctcca aaagacacta 7449

agttgaaaaa ccaggtgaac caacagattg atccacaaaaa tcttattatt agattattca 7509

cttaaaagcc tgtctttatt tcaa acat aaaaacagaa gttattaatc aggaaagcgc 7569

ttatggcagc ctgagcgaac cagt gatagc aagtggtaaa aacagtaat aggatacata 7629

aaaattatac aaggtttcta ctgttatca aaaaaaaaata tttgaaaaca gtaaatagga 7689

tacataatcg acttccaact tgtcctt ataa acatcca gaatcacaac aagaattgca 7749

acgaatacat agtcgacttg agctaagaag tcacaagacc tgtcaaagta agctgccctt 7809

gatcttgaag taaaaggcat attttattgt cttccttggc aaacagatata cactgtctt 7869

agcagttcag ttagataatc caagatttct cacggagaag agcatatcac tcgcatacgt 7929

gttgtgccct ccaaatactg agataaaactg aattttgttc tc tttgaagc atctgcaggc 7989

attaaacaatt ataatactt acaaagttc attgggtcta aactattgtt tgcacatcat 8049

48 / 68

atatatgccc agaactttt agcatgatac aagggtcctg ttcataactc atgcctaaat 8109
ctgacaaaatt tgtcaaacga caatataagt cgaattataa tgcgttttag aattgacgcc 8169
aaaacttttg cttagcgtaag taactcttcc acctcccagc atgcatacaa ccaacaagct 8229
aaacttttgt tcaaaaaaat gtacatttat ttcccttgaac acagcctttg tagaatatga 8289
ttaaaaactc atggatgaat gaaataatgt aaaagaatgg tcaaaatgat gaatagtaca 8349
agaagcaact gtgaacattt caccttacc tgactgttcg caagaaggcc acgtggcaga 8409
aaagccagaa atgcaagaag cttcccta at gatacacca tcaagaaatc aatggactca 8469
acaccagcgt ctgcccagac aaaatgaatg caggcaccta aaatatagaa ccattgactt 8529
ttcaacactg aattatataa cctgaatatc ttgtttttt aacacatctg acaaaatcag 8589
tgcattctgt tccatataga tgtatgcata gctccatat gttagttgat cgatgagcat 8649
gcaaactata cacacccctac gttactccct ctgtcaaaaa aaatataagc ttgtcttagat 8709
acatagctac aaatgcttata tttttggat tctcttaaag ctgttagaaac ttttatcgcc 8769
ccgccccatggc aagtgcgagat gccatccccca atgaaagccc ccacacaggt ttcatgccct 8829

49 / 68

gctgcacaat attgagcaac caaaaatata ataatatgg tgtcagaatt tgaatcaacc 8889
ttacagatac tgggtggcca gaaaatctag tccaaatgtat atcctgaaaa atagcaactg 8949
gcaaatacta aaggcagtga agagttcct ttagatcaga tgataaaaaa aaatcatatg 9009
ttcaatagca ataatcactc acatTTTT tgctgttag aatttagata attagtagtt 9069
aaacttctat agcttgcgta gctaagatca atggtgatta ttagttgaaa aaataatcaa 9129
atcatcaaac tgaggagact tatacctgcc ataagttctg aaatttcaat gatcctagtc 9189
aatatttact gtatataat aattaggtcc aaaagatgtat acttacaatt aaggatgtt 9249
tattgatcggtt cataactc aagcttctat ttatcattaa tcaaaagctg gatcattcat 9309
gcataaacct ttgccgcact caacgttagca gctcggagtc ttcttggc agaagcgagg 9369
aaggagtcaa caaataagta ctgcaatgtt aaacaaaccc acatatcaaa tcccaaatta 9429
agaatgcattt atttataat acagggaaata tatgatcaag tcccaaaaag tgagtcatgt 9489
tatgtacact cagtcatcaa tttcaataag aatattaact tgctcattgg tatatggatt 9549
tgattatgac ataatttgac aatacattt cagaataaac ttgcagtgct gtgagcatat 9609

50 / 68

gttactaaca tgtaaggacc ttgtttgct ctgttcaata ctcatgttga tcttgatctg 9669
 tgtccacata tacctaaatg aaatgaaatc aaagaatgag gttttagtgg gtggagttgg 9729
 tgaattatacg ggtagataat gtcggcacaa ccgtttgata agtagtacga gtactttatt 9789
 tggcgccacc gcgccagcat cagatgtgtg gccttgcac tgattgaatc caaaagaaaa 9849
 aaaaagtctt tttggtcccacaattcta cttcatctgc aggatgtaca gaaggttaca 9909
 tatctattct gttctatgct ctgtttacat ttatattttat agtacttagt tgaaaggc 9969
 cacttggtgg ctgtcattgg ttggctggc cggtatatta ctaataggtt tttaatggc 10029
 atatatgttc ttaaaataaa ccagaaaagc aaaagatcaa ctatcttagc cacaccaatg 10089
 aaatggaata tactgaactg tcacggctaa aattctttc agtcacctgg cccaaactgga 10149
 gccgtggct cgtcgtcttt tctaaacatg tactagtatt ttggggcccc acagtgaatt 10209
 tggcccaaaa tgctgacagc cgctctacgg ctctacgctg tgca at ggg cgg ttc 10265
 Tyr Gly Arg Phe
 140
 atg atg cgg ctg aag ctg cca aac ggt gtg acg acg agc gag cag acg 10313
 Met Met Arg Leu Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr

51 / 68

145

150

155

agg tac ctg gcg agc gtg atc gag gcg tac ggc aag gag ggc tgc gcc 10361
Arg Tyr Leu Ala Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala

160

165

170

gac gtg aca acc cgc cag aac tgg cag atc cgc ggc gtc acg ctc ccc 10409
Asp Val Thr Thr Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro
175 180 185

gac gtg ccg gcc atc ctc gac ggg ctc aac gcc gtc ggc ctc acc agc 10457
Asp Val Pro Ala Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser
190 195 200

ctc cag agc ggc atg gac aac gtc cgc aac ccc gtc ggc aac ccg ctc 10505
Leu Gln Ser Gly Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu
205 210 215 220

gcc ggc atc gac ccc gac gag atc gtc gac acg cga tcc tac acc aac 10553
Ala Gly Ile Asp Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn
225 230 235

ctc ctc tcc tac atc acc agc aac ttc cag ggc aac ccc acc atc 10601
Leu Leu Ser Ser Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile
240 245 250

52 / 68

acc aac ct gtgagtgatc gaatcaaatt gatcatgctc tgtgctgtgc 10649

Thr Asn Leu

tgtttcggtt cgtctctgac gacatgtttg ttgaatttgt tggctgctg 10709

ag g ccg agg aag tgg aac gtg tgc gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac 10757

Pro Arg Lys Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr

260

265

270

gag cac cca cac atc aac gac ctc gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc 10805

Glu His Pro His Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly

275

280

285

ggc aag ttc ggg ttc aac ctc ctc gtc ggc ggg ttc ata agc ccc aag 10853

Gly Lys Phe Gly Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys

290

295

300

agg tgg gag gag gcg ctg ccg ctc gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac 10901

Arg Trp Glu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp

305

310

315

atc atc ccg gtg tgc aag gcc gtt ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc 10949

Ile Ile Pro Val Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly

320

325

330

5 3 / 6 8

acc agg ggc aac cgc cag aag acc cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa 10997
Thr Arg Gly Asn Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu
335 340 345 350

ctt gtgaaccatt ttttctcca ttcatccacg ccattgactg aattacgtat 11050
Leu

gtccccatgt tccttatcagt taattgcggc gttggcattg cag gga atg gag gct 11105
Gly Met Glu Ala
355

ttt cgg tcg gag gtg gag aag agg atg ccg aac ggc gtg ctg gag cgc 11153
Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val Leu Glu Arg
360 365 370

gcg gcg ccg gag gac ctc atc gac aag aaa tgg cag agg agg gac tac 11201
Ala Ala Pro Glu Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr
375 380 385

ctc ggc gtg cac ccg cag aag cag gaa ggg atg tcc tac gtc ggc ctg 11249
Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly Leu
390 395 400

cac gtg ccc gtc ggc cgg gtg cag cgc gac atg ttc gag ctc gca 11297
His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu Ala

5 4 / 6 8

405	410	415	
cgc ctc gcc gac gag tac ggc tcc ggc gag ctc cgc ctc acc gtg gag 11345			
Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val Glu			
420	425	430	435
cag aac atc gtg atc ccg aac gtc aag aac gag aag gtg gag gcg ctg 11393			
Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala Leu			
440	445	450	
ctc tcc gag ccg ctg ctt cag aag ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg ctg 11441			
Leu Ser Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu			
455	460	465	
ctc aag ggc ctc gtc gcg tgc acc ggc aac cag ttc tgc ggc cag gcc 11489			
Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln Ala			
470	475	480	
atc atc gag acg aag cag cgg gcg ctg ctg gtg acg tcg cag gtg gag 11537			
Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser Gln Val Glu			
485	490	495	
aag ctc gtg tcg gtg ccc cgg gcg gtg cgg atg cac tgg acc ggc tgc 11585			
Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp Thr Gly Cys			
500	505	510	515

55 / 68

ccc aac agc tgc ggc cag gtg cag gtc gcc gac atc ggc ttc atg ggc 11633
Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly Phe Met Gly
520 525 530

tgc ctc acc aag gac agc gcc ggc aag atc gtt gag gcg gcc gac atc 11681
Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp Ile
535 540 545

ttc gtc ggc ggc cgc gtc ggc agc gac tcg cac ctc gcc ggc gcg tac 11729
Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala Gly Ala Tyr
550 555 560

aag aag tcc gtg ccg tgc gac gag ctg gcg ccg atc gtc gcc gac atc 11777
Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp Ile
565 570 575

ctg gtc gag cgg ttc ggg gcc gtg cgg agg gag agg gag gag gac gag 11825
Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp Glu
580 585 590 595

gag tag gaacacagac tgggtgttt tgcttgctcc ggtgatctct cgccgtcatt 11881
Glu

gtaaagtaga cgacaatatg cttcgccca tggcacgctt gtactgtcac gttttggttt 11941

5 6 / 6 8

gatctttag cccaaaagtt gtgttcattc tcgttacagt cttacagagg atgattgatt 12001

gataaataaa gaagaaacag attctgcaac tgttcatcgc tgttctaaa tctgatttag 12061

cgaaaagtatc ttgcctgacc tgtcccaatc gcagtgctaa aaccatataa tcttgcaagc 12121

aatgaaatt gaaagagttc aatgcaacca ctaacagtct aacaacatga taaggcct 12179

<210> 5

<211> 2508

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> CDS

<222> (519)..(2309)

<223>

<400> 5

tatcgAACCT tatctcTTTC tctctcgTCG ctTTctgcgt ctccccgtct ctccTTcgCC 60

aacAGGCCGAG aAGAGGCAGA gagAGCGCCG cccccCGTCC ctctctctCC ctctcgTCCT 120

cgccccatc cctctcgTCT ttccCTTGCC ggcAGCAGAG gagGCggcAG cgACGGCTTC 180

57 / 68

agctgctccc acgggccgga tcgggcagtgcggtggcgt cggcggttc cgctggcgaa	240
tccggcgggt ggatacaaattcgtttccg ataggtaaaa ccctgcttc agcatctgcc	300
cttttgaatt cccaagagc cagcatctgc cttttgaat tcgccaaggccagcatctg	360
ccccatggat ttgaattcg ccaagagcca gcaacagcgc ccccgccccc cctccctcct	420
ccgcaataaa cagccacacg cgccgccccccatgtccaccc tcatgccac agcgaccac	480
caccaccacc accaccacca ccaccacgt ctccagcc atg gcc tcc tcc gcc tcc	536
	Met Ala Ser Ser Ala Ser
	1 5
ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac ccc cac gcg gca gca tcc cgc tgc	584
Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His Ala Ala Ala Ser Arg Cys	
	10 15 20
cgccctccggcgtccgcgccccgtcagtcgtcgacgtgttc	632
Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val Gln Ser Ser Thr Val Ser	
	25 30 35
gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg gcg gac gag gag gcc gtg tcg gcg gag	680
Ala Pro Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp Glu Ala Val Ser Ala Glu	
	40 45 50

5 8 / 6 8

cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag cgg gag ggc cgg tac tgg gtg ctc 728
 Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu Gly Arg Tyr Trp Val Leu
 55 60 65 70

aag gag aag tac cgg acg ggg ctg aac ccg cag gag aag gtg aag ctg 776
 Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro Gln Glu Lys Val Lys Leu
 75 80 85

ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc atg gag ggc ggc atc aag gag ctc 824
 Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu Gly Gly Ile Lys Glu Leu
 90 95 100

gce aag atg ccc atg gag atc gag gcc gac aag ctc tcc aag gag 872
 Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala Asp Lys Leu Ser Lys Glu
 105 110 115

gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg ctc ggc ctc ttc cac cgc cgc aag 920
 Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly Leu Phe His Arg Arg Lys
 120 125 130

cat cag tat ggg cgg ttc atg atg cgg ctg aag ctg cca aac ggt gtg 968
 His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu Lys Leu Pro Asn Gly Val
 135 140 145 150

acg acg agc gag cag acg agg tac ctg gcg agc gtg atc gag gcg tac 1016
 Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala Ser Val Ile Glu Ala Tyr

59 / 68

	155	160	165	
ggc aag gag ggc tgc gcc gac gtg aca acc cgc cag aac tgg cag atc				1064
Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr Arg Gln Asn Trp Gln Ile				
	170	175	180	
cgc ggc gtc acg ctc ccc gac gtg ccg gcc atc ctc gac ggg ctc aac				1112
Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala Ile Leu Asp Gly Leu Asn				
	185	190	195	
gcc gtc ggc ctc acc agc ctc cag agc ggc atg gac aac gtc cgc aac				1160
Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly Met Asp Asn Val Arg Asn				
- 200	205	210		
ccc gtc ggc aac ccg ctc gcc ggc atc gac ccc gac gag atc gtc gac				1208
Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp Pro Asp Glu Ile Val Asp				
215	220	225	230	
acg cga tcc tac acc aac ctc ctc tcc tac atc acc agc aac ttc				1256
Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser Tyr Ile Thr Ser Asn Phe				
	235	240	245	
cag ggc aac ccc acc atc acc aac ctg ccg agg aag tgg aac gtg tgc				1304
Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro Arg Lys Trp Asn Val Cys				
	250	255	260	

60 / 68

gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac gag cac cca cac atc aac gac ctc 1352
 Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His Pro His Ile Asn Asp Leu
 265 270 275

gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc ggc aag ttc ggg ttc aac ctc ctc 1400
 Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys Phe Gly Phe Asn Leu Leu
 280 285 290

gtc ggc ggg ttc ata agc ccc aag agg tgg gag gag gcg ctg ccg ctc 1448
 Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp Glu Glu Ala Leu Pro Leu
 295 300 305 310

gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac atc atc ccg gtg tgc aag gcc gtt 1496
 Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile Pro Val Cys Lys Ala Val
 315 320 325

ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc acc agg ggc aac cgc cag aag acc 1544
 Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg Gly Asn Arg Gln Lys Thr
 330 335 340

cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa ctt gga atg gag gct ttt cgg tcg 1592
 Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly Met Glu Ala Phe Arg Ser
 345 350 355

gag gtg gag aag agg atg ccg aac ggc gtg ctg gag cgc gcg gcg ccg 1640
 Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val Leu Glu Arg Ala Ala Pro

61 / 68

360	365	370	
gag gac ctc atc gac aag aaa tgg cag agg agg gac tac ctc ggc gtg 1688			
Glu Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr Leu Gly Val			
375	380	385	390
cac ccg cag aag cag gaa ggg atg tcc tac gtc ggc ctg cac gtg ccc 1736			
His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly Leu His Val Pro			
395	400	405	
gtc ggc cgg gtg cag gcg gac atg ttc gag ctc gca cgc ctc gcc 1784			
Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu Ala Arg Leu Ala			
410	415	420	
gac gag tac ggc tcc ggc gag ctc cgc ctc acc gtg gag cag aac atc 1832			
Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val Glu Gln Asn Ile			
425	430	435	
gtg atc ccg aac gtc aag aac gag aag gtg gag gcg ctg ctc tcc gag 1880			
Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala Leu Leu Ser Glu			
440	445	450	
ccg ctg ctt cag aag ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg ctg ctc aag ggc 1928			
Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu Leu Lys Gly			
455	460	465	470

6 2 / 6 8

ctc gtc gcg tgc acc ggc aac cag ttc tgc ggc cag gcc atc atc gag			1976
Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln Ala Ile Ile Glu			
475	480	485	
acg aag cag cgg gcg ctg ctg gtg acg tcg cag gtg gag aag ctc gtg			2024
Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser Gln Val Glu Lys Leu Val			
490	495	500	
tcg gtg ccc cgg gcg gtg cgg atg cac tgg acc ggc tgc ccc aac agc			2072
Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp Thr Gly Cys Pro Asn Ser			
505	510	515	
tgc ggc cag gtg cag gtc gcc gac atc ggc ttc atg ggc tgc ctc acc			2120
Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly Phe Met Gly Cys Leu Thr			
520	525	530	
aag gac agc gcc ggc aag atc gtt gag gcg gcc gac atc ttc gtc ggc			2168
Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp Ile Phe Val Gly			
535	540	545	550
ggc cgc gtc ggc agc gac tcg cac ctc gcc ggc gcg tac aag aag tcc			2216
Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala Gly Ala Tyr Lys Ser			
555	560	565	
gtg ccg tgc gac gag ctg gcg ccg atc gtc gcc gac atc ctg gtc gag			2264
Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp Ile Leu Val Glu			

6 3 / 6 8

570

575

580

cggttcggggtccgtcgaggaggaggaggagacgagtag 2309
Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp Glu Glu

585

590

595

gaacacagac tgggtgttt tgcttgctcc ggtgatctct cggcgtcctt gttaaagtaga 2369

cgcacaatatgccttcgccccatggcacgcattgtactgtcac gttttgggttt gatcttggtag 2429

cccaaaaagtt gtgttcatttc tcgttacagt cttacagagg atgattgatt gataaataaa 2489

gaagaaacag attctgcaa 2508

<210> 6

<211> 596 ---

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 6

Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His

1

5

10

15

Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val

20

25

30

64 / 68

Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp

35 40 45

Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu

50 55 60

Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro

65 70 75 80

Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu

85 90 95

Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala

100 105 110

Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly

115 120 125

Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu

130 135 140

Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala

145 150 155 160

Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr

65 / 68

165

170

175

Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala

180

185

190

Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly

195

200

205

Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp

210

215

220

Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser

225

230

235

240

Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro

245

250

255

Arg Lys Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His

260

265

270

Pro His Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys

275

280

285

Phe Gly Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp

290

295

300

66 / 68

Glu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile
305 310 315 320

Pro Val Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg
325 330 335

Gly Asn Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly
340 345 350

Met Glu Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val
355 360 365

Leu Glu Arg Ala Ala Pro Glu Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg
370 375 380

Arg Asp Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr
385 390 395 400

Val Gly Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe
405 410 415

Glu Leu Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu
420 425 430

Thr Val Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val
435 440 445

67 / 68

Glu Ala Leu Leu Ser Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro

450

455

460

Ser Leu Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys

465

470

475

480

Gly Gln Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser

485

490

495

Gln Val Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp

500

505

510

Thr Gly Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly

515

520

525

Phe Met Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala

530

535

540

Ala Asp Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala

545

550

555

560

Gly Ala Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val

565

570

575

Ala Asp Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu

6 8 / 6 8

580

585

590

Glu Asp Glu Glu

595

(

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011307

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.C1⁷ C12N15/09, A01H1/00, A01H5/00, C12N5/04

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.C1⁷ C12N15/09, A01H1/00, A01H5/00, C12N5/04

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG), JSTPlus (JOIS), GenBank/
EMBL/DDBJ/GeneSeq. SwissProt/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	TERADA, Y. et al., Cloning and nucleotide sequence of a leaf ferredoxin-nitrite reductase cDNA of rice., Biosci.Biotechnol. Biochem., (1995), Vol.59, pages 2183 to 2185	1-15
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F., Genetic Analysis of Regeneration Ability of Rice Seed Callus., Nogyo Seibutsu Shigen Kenkyusho Kenkyu Hokoku, Bulletin of the National Institute of Agrobiological Resources (1999), Vol.13, pages 97 to 134	1-22
A	Fumio SHIOBARA, "Koshihikari ni Takai Callus Keiseino Oyobi Saibunkano o Fuyo suru Tameno QTL Kaiseki", Seibutsu Shigen Kenkyu Seika Joho (1998), Vol.7, pages 45 to 46	1-22

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
08 November, 2004 (08.11.04)Date of mailing of the international search report
30 November, 2004 (22.11.04)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011307

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	Fumio TAGUCHI et al., "Ine Shushi Callus no Saibunkano ni Kanyo suru QTL no Mapping", Breeding Science, (1996), Vol.46, Bessatsu 1, page 77	1-22
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F. et al., Mapping quantitative trait loci associated with regeneration of ability of seed callus in rice, Oryza sativa L., Theoretical and Applied Genetics (1997), Vol.95, No.5 to 6, pages 828 to 833	1-22
A	Kenjiro OZAWA et al., "Ine Saibunkano no Iden Kaiseki Oyobi Kosaibunkano Ikushu Sozai no Kaihatsu"	1-22
A	Toshinori ABE, "Ine no Datsubunka Saibunka no Identeki Shihai", Heisei 5, 6 Nendo kagaku Kenkyuhi Hojokin (Sogokenkyu A), Kenkyu Seika Hokokusho, (1995), pages 32 to 38	1-22

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011307

Box No. I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item 1.b of the first sheet)

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application and necessary to the claimed invention, the international search was carried out on the basis of:
 - a. type of material
 - a sequence listing
 - table(s) related to the sequence listing
 - b. format of material
 - in written format
 - in computer readable form
 - c. time of filing/furnishing
 - contained in the international application as filed
 - filed together with the international application in computer readable form
 - furnished subsequently to this Authority for the purposes of search
2. In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing and/or table relating thereto has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.
3. Additional comments:

A. 発明の属する分野の分類（国際特許分類（IPC））
Int.C1' C12N 15/09, A01H 1/00, A01H 5/00, C12N 5/04

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料（国際特許分類（IPC））
Int.C1' C12N 15/09, A01H 1/00, A01H 5/00, C12N 5/04

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース（データベースの名称、調査に使用した用語）
MEDLINE(STN), WPI(DIALOG), BIOSIS(DIALOG), JSTPlus(JOIS), GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	TERADA, Y. et al., Cloning and nucleotide sequence of a leaf ferredoxin-nitrite reductase cDNA of rice. Biosci. Biotechnol. Biochem. (1995) Vol. 59, p. 2183-2185	1-15
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F., Genetic Analysis of Regeneration Ability of Rice Seed Callus. 農業生物資源研究所研究報告(1999)第13巻 第97-134頁	1-22

C欄の続きにも文献が列挙されている。

パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

- 「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
- 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
- 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す）
- 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
- 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

- 「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
- 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
- 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
- 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日 08.11.2004	国際調査報告の発送日 30.11.2004
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官（権限のある職員） 左海 匠子 4N 3038 電話番号 03-3581-1101 内線 3488

C(続き) .	関連すると認められる文献	
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	塩原文緒, コシヒカリに高いカルス形成能及び再分化能を付与するためのQTL解析 生物資源研究成果情報(1998)第7巻第45-46頁	1-22
A	田口文緒ほか, イネ種子カルスの再分化能に関与するQTLのマッピング 育種学雑誌(1996)第46巻別冊1第77頁	1-22
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F. et al., Mapping quantitative trait loci associated with regeneration ability of seed callus in rice, <i>Oryza sativa L.</i> <i>Theoretical and Applied Genetics</i> (1997)Vol. 95, No. 5-6, p. 828-833	1-22
A	小沢憲次郎ほか, イネ再分化能の遺伝解析及び高再分化能育種素材の開発	1-22
A	阿部利徳, イネの脱分化・再分化の遺伝的支配 平成5, 6年度科学研究費補助金(総合研究A)研究成果報告書(1995)第32-38頁	1-22

第I欄 ヌクレオチド又はアミノ酸配列（第1ページの1. bの続き）

1. この国際出願で開示されかつ請求の範囲に係る発明に必要なヌクレオチド又はアミノ酸配列に関して、以下に基づき国際調査を行った。
- a. タイプ 配列表 配列表に関連するテーブル
- b. フォーマット 書面 コンピュータ読み取り可能な形式
- c. 提出時期 出願時の国際出願に含まれる この国際出願と共にコンピュータ読み取り可能な形式により提出された 出願後に、調査のために、この国際調査機関に提出された
2. さらに、配列表又は配列表に関連するテーブルを提出した場合に、出願後に提出した配列若しくは追加して提出した配列が出願時に提出した配列と同一である旨、又は、出願時の開示を超える事項を含まない旨の陳述書の提出があった。
3. 据足意見：

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.